

GenCore version 5.1.7  
Copyright (c) 1993 - 2006 Bioacceleration Ltd.

OM nucleic - nucleic search, using sw model

Run on: February 15, 2006, 03:31:18 ; Search time 8725 Seconds  
(without alignments)  
10984.305 Million cell updates/sec

Title: US-10-781-979-6

Perfect score: 1686  
Sequence: 1 gtgagctcaatgcttacaag.....atcaagataaccgcttaa 1686

Scoring table: IDENTITY NUC  
Gapop 10.0 , Gapext 1.0

Searched: 5883141 seqs, 28421725653 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters: 11766282

Minimum DB seq length: 0  
Maximum DB seq length: 200000000

Post-processing: Minimum Match 0%  
Maximum Match 100%  
Listing first 45 summaries

Database : GenEmbl:\*  
1: gb\_ba:\*  
2: gb\_in:\*  
3: gb\_env:\*  
4: gb\_om:\*  
5: gb\_ov:\*  
6: gb\_pat:\*  
7: gb\_ph:\*  
8: gb\_pr:\*  
9: gb\_ro:\*  
10: gb\_scs:\*  
11: gb\_sy:\*  
12: gb\_un:\*  
13: gb\_vl:\*  
14: gb\_intg:\*  
15: gb\_pl:\*  
  
Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a score greater than or equal to the score of the result being printed, and is derived by analysis of the total score distribution.

SUMMARIES

Result No.	Score	Query Match	Length	DB ID	Description
1	1686	100.0	1686	6	CQ868316
2	1686	100.0	5980	6	CQ868311
3	1466	87.0	3746	1	AB074414
4	1395.8	82.8	3727	1	AB074413
5	1335	79.2	4100	1	AB112346
6	970.4	57.6	3752	1	AB125059
7	941.4	55.8	3931	1	AB161456
8	914.8	54.3	4391	1	BTUEG65
9	891.4	52.9	3668	1	AB185105
10	839.6	49.8	3642	1	AB193814
11	792.4	47.0	127823	1	BTBTOXIS
12	784.8	46.5	4186	1	BACISRH3
13	784.8	46.5	4186	6	E01905
14	783.2	46.5	3684	1	BTITOX
15	783.2	46.5	3684	1	BTTOXD2
16	781.6	46.4	3535	6	I08884
17	781.6	45.9	4253	1	BACISRH4
18	774.2				D00248

C	19	774.2	45.9	127923	1	BTBTOXIS	AL731825
	20	772.6	45.8	4934	6	E01676	DNA sequenc
	21	767.8	45.5	4451	6	I08083	Sequence 1
	22	767.8	45.5	4451	6	I09103	Sequence 1
	23	763.8	45.3	3543	1	BTTOXD1	Y00423
	24	762.8	45.2	4056	1	BACCRXD2	M20242 B.churingie
	25	708.2	42.0	3536	6	E01029	Sequence
	26	697	41.3	10933	6	E01028	DNA sequenc
	27	384.2	22.8	4359	6	BD177493	Polypepti
	28	384.2	22.8	4359	6	AK670917	Sequence
	29	379	22.5	3690	6	BD133574	Protein h
	30	379	22.5	3690	6	BD133575	Protein h
	31	361.8	21.5	3483	1	BTU04366	U04366
	32	360.2	21.4	3483	1	AY518201	Bacillus th
	33	357.4	21.2	3797	6	AK005118	Sequence
	34	357.4	21.2	3797	6	AK050172	Sequence
	35	357.4	21.2	3797	6	E06830	DNA sequenc
	36	356	21.1	3435	1	AB089299	Bacillus
	37	338.6	20.1	4959	1	AF285775	Bacillus
	38	331	19.6	3756	6	E00614	DNA encodin
	39	329	19.5	3753	1	BACMSQB	W12662 B.churingie
	40	319.2	18.9	1738	6	I03580	Sequence 3
	41	317.8	18.8	2340	1	AY897354	Bacillus
	42	313	18.6	4896	1	AF132928	Bacillus
	43	312.8	18.6	4366	6	AK670933	Sequence
	44	312.8	18.6	16914	1	AB115422	Paenibaci
	45	311.8	18.5	3471	1	BTU04364	Bacillus th

ALIGNMENTS

RESULT 1  
LOCUS CQ868316 1686 bp DNA linear PAT 13-SEP-2004  
DEFINITION Sequence 17 from Patent WO2004074462.  
ACCESSION CQ868316  
VERSION CQ868316.1 GI:51998362  
KEYWORDS  
SOURCE Bacillus thuringiensis  
ORGANISM Bacillus thuringiensis  
Bacteria; Firmicutes; Bacillales; Bacillaceae; Bacillus; Bacillus cereus group.  
  
REFERENCE  
1 Carozzi,N., Hargiss,T., Koziej,M.G., Duck,N.B. and Carr,B.  
Delta-endotoxin genes and methods for their use  
Patent: WO 2004074462-A 17 02-SEP-2004;  
Athenix Corporation (US)  
  
FEATURES  
source  
1..1686  
/organism="Bacillus thuringiensis"  
/mol\_type="unassigned DNA"  
/db\_xref="taxon:1428"  
1..1686  
/note="unnamed protein product"  
/codon\_start=1  
/transl\_table=11  
/protein\_id="CAH31953.1"  
/db\_xref="GI:51998363"  
/translation="MSPMFTSTYKTLKIEITDYETIDOAISICGMSDEONPOEKIMLWDEIKAKQSQRVLONGDPGSGNDTFFGNDIIIGSNPFFKGFLLQMGARDYIGTLEPTTICQKIDSKLKYRTRVRVGVGSSKDLKMTVRKEKEDIALNMPVDLAWYQNPSCGDIYRCESSSOYVQGYPTPDGYAPMVAICPONIIDKRVKCHDRKHPDFHIDTGEVDITNIVGIDVLLKISNPGYATVGNLEVEGRLTGEALAHYKOKEXKIKOMEXKRWETQOAYDPAKQAVDALFTNBOELHYHTLIDHIONMDRLVOSIPYUHLMPAPGKNVYVQELNAPKINQGVNLYDARVVTNGDFTQGLCGWHLAAGNAVQOMDASVYVLSNMSGVSQNLHAQDHGIVLRVIAKKEPFGKGYTAMDCKNGKQETLKTSCBEGMTKTVEEFPESDRVRIETGETGTFYIDSLELLCMQGDNNNNLHTGMVYOSYNGNNGNONTSYVYQGYTNNYNQDSSNMYNNYNNDDHSGCTCQGHNSGCTCQGYNR"

Query Match	100.0%;	Score 1686;	DB 6;	Length 1686;
Best Local Similarity	100.0%;	Pred. No. 2.8e-26;		

Matches 1686; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

```
QY 1 GTGAGTCTATGTTAGACAGTACGAAAAATACGTTAAAAATGAAACGACATAT 60
D 1 GTGAGTCTATGTTAGACAGTACGAAAAATACGTTAAAAATGAAACGACATAT 60
QY 61 GAAATAGTCAAGCGGCATTTCTATAGATATGATGAGAACAAATCTTCAGAA 120
D 61 GAAATAGTCAAGCGGCATTTCTATAGATATGATGAGAACAAATCTTCAGAA 120
QY 121 AAAATATGTTATGGATGAAATAAACTGGCAAAACCACTTACGTCTGTAATCTA 180
D 121 AAAATATGTTATGGATGAAATAAACTGGCAAAACCACTTACGTCTGTAATCTA 180
QY 181 CTCCAAAATGAGACTTTTCTGGGAAATGATGACATTCGGTAATGATATGATAGA 240
D 181 CTCCAAAATGAGACTTTTCTGGGAAATGATGACATTCGGTAATGATATGATAGA 240
QY 241 TCCAAATATCTATTTTAAAGAAAAATTTCTACAGATGCGTGAGACAGACATATAT 300
D 241 TCCAAATATCTATTTTAAAGAAAAATTTCTACAGATGCGTGAGACAGACATATAT 300
QY 301 GAAACTCTATTTCCAACTTATCTGTCAAAAAATAGATGAGTCTAAATTTAAACATAT 360
D 301 GAAACTCTATTTCCAACTTATCTGTCAAAAAATAGATGAGTCTAAATTTAAACATAT 360
QY 361 ACAGGTTATCGAGTAAAGGGTTTGTGGGAAGTAAAGATTTGAATTTAATGTTACA 420
D 361 ACAGGTTATCGAGTAAAGGGTTTGTGGGAAGTAAAGATTTGAATTTAATGTTACA 420
QY 421 CGTTACGGGAAAGAAATGATGCTATCATGAATGTTCCAAATGATTTGGCCTATATGAG 480
D 421 CGTTACGGGAAAGAAATGATGCTATCATGAATGTTCCAAATGATTTGGCCTATATGAG 480
QY 481 CCTAATCTTATGATGAGATTTATCGCTGTAATCATCGTCTCACTATGTAAGCCAAAGG 540
D 481 CCTAATCTTATGATGAGATTTATCGCTGTAATCATCGTCTCACTATGTAAGCCAAAGG 540
QY 541 TATCTTACACCAACAGATGATATGCTCCGATATGATGATGATGATGATGATGATGAT 600
D 541 TATCTTACACCAACAGATGATATGCTCCGATATGATGATGATGATGATGATGATGAT 600
QY 601 AGAAGCATGTGAAGTGTCAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 660
D 601 AGAAGCATGTGAAGTGTCAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 660
QY 661 GTAGATACAAATACAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 720
D 661 GTAGATACAAATACAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 720
QY 721 TACGCTACAGTAAAGGAAATCTGAAGTCTTGAAGAGCACTTAACAGGTGAAGCAT 780
D 721 TACGCTACAGTAAAGGAAATCTGAAGTCTTGAAGAGCACTTAACAGGTGAAGCAT 780
QY 781 GCACATGTGAACAAAAAGAAATGAGAAACAACATGAGAAAAAAGCTTTGGGAA 840
D 781 GCACATGTGAACAAAAAGAAATGAGAAACAACATGAGAAAAAAGCTTTGGGAA 840
QY 841 ACACAAACAAAGCTTATGATGACAAAAAGGCTGATGATGATGATGATGATGATGAT 900
D 841 ACACAAACAAAGCTTATGATGACAAAAAGGCTGATGATGATGATGATGATGATGAT 900
QY 901 GAGTTACACTATCTATTTACTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 960
D 901 GAGTTACACTATCTATTTACTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 960
QY 961 ATTCCTATGATATCATATTTGTTACCGAATGCTCAGGATGATGATGATGATGATGAT 1020
D 961 ATTCCTATGATATCATATTTGTTACCGAATGCTCAGGATGATGATGATGATGATGAT 1020
QY 1021 CAAGAGTTAAACGACGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1080
D 1021 CAAGAGTTAAACGACGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1080
```

```
QY 1081 ACAATGATGACTTTTACACAAAGATTAACAGGATGACACGCAACAGAAAAATGCCGGTA 1140
D 1081 ACAATGATGACTTTTACACAAAGATTAACAGGATGACACGCAACAGAAAAATGCCGGTA 1140
QY 1141 CAACAAATGATGAGGCTTTCAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1200
D 1141 CAACAAATGATGAGGCTTTCAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1200
QY 1201 AACTTGCATGCTCAAGATCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1260
D 1201 AACTTGCATGCTCAAGATCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1260
QY 1261 CCGGAAAAGGGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1320
D 1261 CCGGAAAAGGGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1320
QY 1321 ACTTCTTGCAGAAAGGATATATGACAAAAACAGTAGAGGTAATCCAGAAAAGTATCGT 1380
D 1321 ACTTCTTGCAGAAAGGATATATGACAAAAACAGTAGAGGTAATCCAGAAAAGTATCGT 1380
QY 1381 GTACGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1440
D 1381 GTACGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1440
QY 1441 TGTATGCAAGATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1500
D 1441 TGTATGCAAGATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1500
QY 1501 TATATGAAATTTATTAATCAAAATATAGCGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1560
D 1501 TATATGAAATTTATTAATCAAAATATAGCGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1560
QY 1561 TATATGCAAGCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1620
D 1561 TATATGCAAGCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1620
QY 1621 TCCGGTTGACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1680
D 1621 TCCGGTTGACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1680
QY 1681 CGTTAA 1686
D 1681 CGTTAA 1686
```

RESULT 2  
CQ868311  
LOCUS CQ868311 5980 bp DNA linear PAT 14-SEP-2004  
DEFINITION Sequence 12 from Patent WO2004074462.  
ACCESSION CQ868311  
VERSION CQ868311.1 GI:51998357  
KEYWORDS  
SOURCE  
ORGANISM  
Bacillus thuringiensis  
Bacteria; Firmicutes; Bacillales; Bacillaceae; Bacillus; Bacillus cereus group.  
REFERENCE  
1 Carozzi, N., Hargies, T., Koziel, M.G., Duck, N.B. and Carr, B.  
Delta-endotoxin genes and methods for their use  
Patent: WO 2004074462-A 12 02-SEP-2004;  
Athenix Corporation (US)  
FEATURES  
source  
1..5980  
location/Qualifiers  
/organism="Bacillus thuringiensis"  
/mol\_type="unassigned DNA"  
/db\_xref="taxon:1428"

ORIGIN  
Query Match 100.0%; Score 1686; DB 6; Length 5980;  
Best Local Similarity 100.0%; Pired. No. 1,9e-296;  
Matches 1686; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

QY 1 GTGAGTCTATGTTTACAGTAGTACGAAAAATACGTTAAAAATAGAAAAACGACATTAAT 60  
 DB 2309 GTGAGTCTATGTTTACAGTAGTACGAAAAATACGTTAAAAATAGAAAAACGACATTAAT 2368  
 QY 61 GAAATAGATCAACGCGCATTTCTATAGAAATGATAGTATGATGAAACAAAATCTCAGGAA 120  
 DB 2369 GAAATAGATCAACGCGCATTTCTATAGAAATGATAGTATGATGAAACAAAATCTCAGGAA 2428  
 QY 121 AAAATATGTTATGGGATGAAATAAACTGCGAAAAACAATTAGTCAGTCTCGTAATCTA 180  
 DB 2429 AAAATATGTTATGGGATGAAATAAACTGCGAAAAACAATTAGTCAGTCTCGTAATCTA 2488  
 QY 181 CTCGAAATGAGAAATTTTCTGGGAATGATGGAATTCGGTAATGATATTTATGATAGA 240  
 DB 2489 CTCGAAATGAGAAATTTTCTGGGAATGATGGAATTCGGTAATGATATTTATGATAGA 2548  
 QY 241 TCCAAATATCTATATTTTAAAGAAATTTCTACAGATGCGTGAGACAGACATATAT 300  
 DB 2549 TCCAAATATCTATATTTTAAAGAAATTTCTACAGATGCGTGAGACAGACATATAT 2608  
 QY 301 GGAATCTATTTTCAACCTATATCTGTCAAAAAATAGATGAGTCTAAATTTAAACCATAT 360  
 DB 2609 GGAATCTATTTTCAACCTATATCTGTCAAAAAATAGATGAGTCTAAATTTAAACCATAT 2668  
 QY 361 ACACCTATTCGAGTAAAGAGGTTTGTGGGAAGTACTAAAGATTTGAAATTTATGTTACA 420  
 DB 2669 ACACCTATTCGAGTAAAGAGGTTTGTGGGAAGTACTAAAGATTTGAAATTTATGTTACA 2728  
 QY 421 CGTTACGGGAAAGAAATTTGATGCTATCAATGAAATGTTCCAAATGATTTGGCCATATGCG 480  
 DB 2729 CGTTACGGGAAAGAAATTTGATGCTATCAATGAAATGTTCCAAATGATTTGGCCATATGCG 2788  
 QY 481 CCTAATCTTCAATGTGAGATTAATGCTGTGAATCATGCTCAGTATGTGAGCCAAAGG 540  
 DB 2789 CCTAATCTTCAATGTGAGATTAATGCTGTGAATCATGCTCAGTATGTGAGCCAAAGG 2848  
 QY 541 TATCTTACACCAACGATGAGATATGCTCCGATATGATGATGCGCCGAAATATATAT 600  
 DB 2849 TATCTTACACCAACGATGAGATATGCTCCGATATGATGATGCGCCGAAATATATAT 2908  
 QY 601 AGAAGCATGTGAATGTCAAGATGCTCATTCATTTGATTTTCAATATTTGACACCGGAGA 660  
 DB 2909 AGAAGCATGTGAATGTCAAGATGCTCATTCATTTGATTTTCAATATTTGACACCGGAGA 2968  
 QY 661 GTAGATACAAATACAAATGTAGTATGATGCTTATTTAAAAATTTCTATATCAGATGGA 720  
 DB 2969 GTAGATACAAATACAAATGTAGTATGATGCTTATTTAAAAATTTCTATATCAGATGGA 3028  
 QY 721 TACGTTACAGTAGGGAATCTAGAAATCATTTGAAAGAACCACTAACAGGTGAACATTTG 780  
 DB 3029 TACGTTACAGTAGGGAATCTAGAAATCATTTGAAAGAACCACTAACAGGTGAACATTTG 3088  
 QY 781 GCACATGTGAAACAAAAGGAAAGAAATGGAACAACATGGAAGAAAAAGCTTGGGGA 840  
 DB 3089 GCACATGTGAAACAAAAGGAAAGAAATGGAACAACATGGAAGAAAAAGCTTGGGGA 3148  
 QY 841 ACACAACAAGCTTATGATTCAGCAAAACAGGCTGTAGATGATTTATTTACAAATGACAA 900  
 DB 3149 ACACAACAAGCTTATGATTCAGCAAAACAGGCTGTAGATGATTTATTTACAAATGACAA 3208  
 QY 901 GAGTTACACTATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 960  
 DB 3209 GAGTTACACTATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 3268  
 QY 961 ATTCCCTATGATACATTAATGTTTACCGAATGCTCCAGTATGAACTATATGATAT 1020  
 DB 3269 ATTCCCTATGATACATTAATGTTTACCGAATGCTCCAGTATGAACTATATGATAT 3328  
 QY 1021 CAAGAGTTAAACGACGATATGCAAGGTTATTAATTTATATGATGACGAATGTCATA 1080  
 DB 3329 CAAGAGTTAAACGACGATATGCAAGGTTATTAATTTATATGATGACGAATGTCATA 3388  
 QY 1081 ACAATGTGACTTTACACAGAGATTTACAGGATGACGCAACAGAAATGCCCGGGA 1140

DB 3389 ACAATGTGACTTTTACACAGAGATTTACAGGATGACGCAACAGAAATGCCCGGGA 3448  
 QY 1141 CAACAATGATGAGAGCTTACAGTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1200  
 DB 3449 CAACAATGATGAGAGCTTACAGTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 3508  
 QY 1201 AACTTGATGCTCAAGATCATATGATATGATGTTTACGTTGATGTTGCCAAAAAAGAGA 1260  
 DB 3509 AACTTGATGCTCAAGATCATATGATATGATGTTTACGTTGATGTTGCCAAAAAAGAGA 3568  
 QY 1261 COTGAAAAAGGATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1320  
 DB 3569 COTGAAAAAGGATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3628  
 QY 1321 ACTTCTTGCAAGAGATATATGACAAACAGTAGAGGATTTCCAGAAAGTATCGT 1380  
 DB 3629 ACTTCTTGCAAGAGATATATGACAAACAGTAGAGGATTTCCAGAAAGTATCGT 3688  
 QY 1381 GTACGATTTGAAATGAGAAACCGAAGTACATTTTATATGATGATGATGATGATGAT 1440  
 DB 3689 GTACGATTTGAAATGAGAAACCGAAGTACATTTTATATGATGATGATGATGATGAT 3748  
 QY 1441 TGTATGCAAGGATATGATACAAATTAACCTGACACAGGGTATATGATGACAAAGT 1500  
 DB 3749 TGTATGCAAGGATATGATACAAATTAACCTGACACAGGGTATATGATGACAAAGT 3808  
 QY 1501 TATATGCAAAATTTATATCAAAATATCTAGCGATGATATTAACAGGGTATATCAAAAC 1560  
 DB 3809 TATATGCAAAATTTATATCAAAATATCTAGCGATGATATTAACAGGGTATATCAAAAC 3868  
 QY 1561 TATATCAAGACTGATGATATGATATGATATGATATGATATGATATGATATGATATGAT 1620  
 DB 3869 TATATCAAGACTGATGATATGATATGATATGATATGATATGATATGATATGATATGAT 3928  
 QY 1621 TCCGTTGACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1680  
 DB 3929 TCCGTTGACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3988  
 QY 1681 CGTTAA 1686  
 DB 3989 CGTTAA 3994  
 RESULT 3  
 AB074414  
 LOCUS  
 DEFINITION  
 Bacillus thuringiensis serovar aizawai cry40A and 40orf2 genes for putative mosquitocidal toxin and Cry40orf2 protein, partial and complete cds.  
 ACCESSION  
 AB074414  
 VERSION  
 AB074414.1 GI:16945771  
 KEYWORDS  
 SOURCE  
 ORGANISM  
 Bacillus thuringiensis serovar aizawai  
 Bacillus thuringiensis serovar aizawai  
 Bacteria; Firmicutes; Bacillales; Bacillaceae; Bacillus; Bacillus cereus group.  
 REFERENCE  
 1 Ito, T., Sahara, K., Asano, S., and Bando, H.  
 Cloning and Expression of Novel Crystal Protein Genes from *Bacillus thuringiensis* subsp. *aizawai* Encoding a Mosquitocidal Proteins  
 JOURNAL  
 TITLE  
 REFERENCES  
 AUTHORS  
 JOURNAL  
 Submitted (14-NOV-2001) Takeshi Ito, Graduate school of Agriculture, Hokkaido University, Kita-9-1you Nishi-9chome, Kita-ku, Sapporo-shi, Hokkaido 060-8589, Japan  
 (E-mail: ito-c@ads.agr.hokudai.ac.jp, Tel:81-011-716-2487)  
 FEATURES  
 source  
 1..3746  
 /organism="Bacillus thuringiensis serovar aizawai"  
 /mol\_type="genomic DNA"

```
/serovar="ajizawai"
/isolate="Bun1-14"
/db_xref="taxon:1433"
1..2002
/gene="cry40A"
<1..2002
/gene="cry40A"
/codon_start=2
/codon_table=1
/product="putative mosquito toxin"
/protein_id="BAB72018.1"
/db_xref="GI:16945772"
/translation="NSYENKNEVEILSSSNNTMPPNRYPPANDRMSMTSPNDQGI
SMRIWESAETTSIGDILFIEMPSLGGINTLPSITGKLIPTNHOVSALSTCDLI
SLIKREVADSLSDICRFLDGKLNVEYLLPYLEALDKGKLOKTNMNDIQLYK
YFELSERDFNFILOGSLARNNAOILLPYFASCKOULLRDVQIBQPPFLSAB
NVRSELSPNSGCDPTGDIYERLCKIAEYDYCEYVQAGLNOIKQAGTADPWAK
NKPFRMTLVLDIILFQIYDFKYPLEPHVBLREIYDTPVGSGTSMKXWTG
AFNTELANGTGPGLVTLRSIGIYNEVYSFSGWGTGRHEDYDTNGNFORSGT
TSNDRDISFPNSDIFKIESKAINLVGINARPEYRSRAFSSTAFIYLDAONS
GLSMTITSKLPGIKNPEPSYRDYSHRISNAACGAGSRINVTGWTTSKKNLIY
PDKITQIPAVAFDISDTPGQVLAGPHTGAVNSLPIYRLKRLIPASTKNVLY
RVRYTSSNGRLVLRMSPSSIINSFPLPSTGPDSGYVDLTVTTFNQVBI11Q
.NLDTPIVDKVEFIPVNSTALEYEGKSLERAKODVVDLFPVK"
2070..3746
/gene="40orf2"
2070..3746
/gene="40orf2"
/codon_start=1
/codon_table=1
/product="Cry40orf2 protein"
/protein_id="BAB72019.1"
/db_xref="GI:16945773"
/translation="WFTNGTKNTLKIEETDYEIDQAAISIECMDSHSPKRMILME
VKRKLKLSQSNLQNDPFDYGDWRFNNI1IGSNNSIFKQFLQMSGARIDYGT
IFPTYIYQKIDESKLKPYTRVRVPGVSSDRLMYRKEIDAMNVSNDLHYQ
PNPSCGDSRCSQYVQGYPTPDGAIPRYACPSSSDKHVMCHDRHPFDIHD
GELDTNVTGIDVLFKISNPDVATLGLAEYBSGLPGLALTYHKCKMKQHMEX
KRMTQOAVDPAKQAVDTLPTNEOELNHTLIDYLOTLIDYSPRYIYKCKMADRG
MNYDGTQSLARIMQAYLIDARVNTTGDFTKGLQGHNAKGAQQIDASIVLVS
NMSAGVQNLQAOHGHMYLVIAKESBPQGYVMDCNQNQELKFTSCSEBYMTK
TVEVPESDRVRIEIGETGEFYVDSIELCMQGYASNNPHTGNTMGQSNQYNNQV
TSDVHQGYTNNYNNQSNMNYNNQVTHNDLHSGCTCGHNSCTCSGQ"
```

## ORIGIN

Query Match 87.0%; Score 1466; DB 1; Length 3746;  
Beet Local Similarity 93.1%; Pred. No. 2e-256;  
Matches 1570; Conservative 0; Mismatches 105; Indels 11; Gaps 3;

```
1 GTGAGTCCTATGTTTACAAAGTAGTACGAAAAATCGTAAAAATGAAGACGAGATTAT 60
2061 GTGAGTCCTATGTTTACAAATGTRACGAAAAATACGCTGAAAAATGAAACGACGATTAT 2120
61 GAAATAGATCAAGCGGCCATTTCATAGATGTATGTCAGATGCAACAAATCCTCAGGAA 120
2121 GAAATAGATCAAGCGGCCATTTCATAGATGTATGTCAGATGCAACAAATCCTCAGGAA 2180
121 AAAATATGTTATGGAGTGAATAAATCGCAAAACAACTTATGTCAGTCTCGTAATGTA 180
2181 AAAATGATGTTATGGAGTGAATAAAGCGGCAAAACCTTATGTCAGTCTCGTAATGTA 2240
181 CTCGAAAA-----TGAGAGCTTTCTGGGAATGATTTGGAACATTCGATTAAGTATTT 231
2241 CTCGAAAAATGGGACCTTTGGAGACTTTTATGAAAAATGATTTGGAATTTGGTAATTAATTT 2300
232 ATCATAGGATCAATTAATCCTATTTTAAAGAAAAATTTCTACAGATCGTGGACGCA 291
2301 ATCATAGGATCAATTAATTTTAAAGAAATTTTCTTCAGATGAGTGGACGCGCA 2360
292 GACATATATGGAACCTATTTTCCAACTATATCTGTCAAAAAATGATGAGTCTTAATTA 351
2361 GACATATATGGAACCTATATTTTCCAACTATATCTATCAAAAAAATGATGAAATCTAATTA 2420
```

```
352 AAACCATATACAGCTTATCGAGTAGAGGGTTTTGGGAAGTAGTAATAAGATTTGAATTA 411
2421 AAACCATATACAGCTTATCGAGTAGAGGGTTTTGGGAAGTAGTAATAAGATTTGAATTTG 2480
412 ATGGTAAACGTTACGGGAAAAGAAATGATGCTATCATGAAATGTTCCAAATGATTTGGCC 471
2481 ATGGTAAACGTTACGGGAAAAGAAATGATGCTATCATGAAATGTTCCAAATGATTTGGCC 2540
472 TATATGACGCTTATCCTTTCATGTCGAGATTAATGCGTGTAAATCATGCTCAGTATGTC 531
2541 TATATGACGCTTATCCTTTCATGTCGAGATTAATGCGTGTAAATCATGCTCAGTATGTC 2600
532 AGCCAAGGATCTCTTACACCAACAGATGATGCTCCGATATGATGATGATGCGCCGCA 591
2601 AGCCAAGGATCTCTTACACCAACAGATGATGCTCCGATATGATGATGATGCGCCGCTCA 2660
592 AATATAGATGAAGAAGCATGTGAAGTGCAGATGTCATCCATTTGATTTTCATATTTGAC 651
2661 AGTTCAATATAAAAACATGTTATGTCACGATGTCATCCATTTGATTTTCATATTTGAC 2720
652 ACCGGAAGATGATTAACAAATGATGATTTGATGATGCTTATTTAAAAATTTCTAAT 711
2721 ACCGGAAGATGATTAACAAATGATGATTTGATGATGCTTATTTAAAAATTTCTAAT 2780
712 CCAGATGATATCGCTTACAGTAGGGAATCTAGAAATCATTTGAGAGGACCACTAACAGT 771
2781 CCAGATGATATGCTTACATTTAGGGAATCTAGAAATCATTTGAGAGGACCACTAACAGG 2840
772 GAACGATTTGGCATGTTGAAAACAAAGAGAAAAGAAATGAGAAACAAACATGAGAGAAAAA 831
2841 GAACGATTTAGCATGTTGAAAACAAAGAGAAAAGAAATGAGAAACAAACATGAGAGAAAAA 2900
832 CGTTGGGAAAACAGAACAGCTATGATCCAGCAAAAAGGCTGTAGATGATTTATTAACA 891
2901 CGTTGGGAAAACAGAACAGCTATGATCCAGCAAAAAGGCTGTAGATGATTTATTAACA 2960
892 AATGAACAAGATTAACATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 951
2961 AATGAACAAGATTAACATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 3019
952 GTACAGTCGATTCCTATGATATCAATTAATTTGTTACC-GAATGCTCGAGGTATGAACCTA 1010
3020 GTACAGTCGATTCCTATGATATCAATTAATTAATTTGTTACC-GAATGCTCGAGGTATGAACCTA 3079
1011 TGATGATATTAACAAGTTAAACGATATCAACGAGTTATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1070
3080 TGATGATATTAACAAGTTAAACGATATCAACGAGTTATTAATTAATTAATTAATTAATTA 3139
1071 AATGTCATTAACAATGATGATCTTTACAAAGATTAACAGGATGACGCAACGAGAAA 1130
3140 AATGTCATTAACAATGATGATCTTTACAAAGATTAACAGGATGACGCAACGAGAAA 3199
1131 TGCCGCGGTACAAACAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1190
3200 GGCAGCGGTACAAACAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 3259
1191 GGTATCTCAAAAATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1250
3260 GGTATCTCAAAAATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 3319
1251 AAAAGAAGACCTGGAAGAAAGGATATGTAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1310
3320 AAAAGAAGACCTGGAAGAAAGGATATGTAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 3379
1311 ACTTAAGTCACTTTCTTGCAGAGAGATATATGACAAAAACAGTACAGGATATTCACAGA 1370
3380 ACTTAAGTCACTTTCTTGCAGAGAGATATATGACAAAAACAGTACAGGATATTCACAGA 3439
1371 AAGTGATCGTGACGATTTGAAATATGAGAAACCGAAGGATACATTTATATATGATACAT 1430
3440 AAGTGATCGTGACGATTTGAAATATGAGAAACCGAAGGATACATTTATATATGATACAT 3499
1431 CGAATGCTTTGATGACAGGATATGATTAACAATTAATTAACCTGACACGGGTAATATGTA 1490
```

Db 3500 CGAGTGTCTTGATGACAGATATGCTACATATATAACCGCACACGGGTAATATGTA 3559  
Qy 1491 TGAGCAAGATTATATGGAATTTATATCAAAATCTAGCGATGTGTATTAACCAAGGTA 1550  
Db 3560 TGGGCAAGTTATATATGGAATTTATATCAAAATCTAGCGATGTGTATTAACCAAGGTA 3619  
Qy 1551 TACAAACAATTAACCAAGACTCTAGTATATGTATTAATCAAAATTTATTAACATGA 1610  
Db 3620 TACAAACAATTAACCAAACTCTAGTATATGTATTAATCAAAATTTATTAACATGA 3679  
Qy 1611 TGACCTGATCCGGTTGACATGTATACCAAGGATACCTGGCTGTACATGATATCA 1670  
Db 3680 TGACCTGATCCGGTTGACATGTATACCAAGGATACCTGGCTGTACATGATATCA 3739  
Qy 1671 AGGATA 1676  
Db 3740 AGGATA 3745

RESULT 4  
AB074413 3727 bp DNA linear BCT 14-JUN-2003  
LOCUS Bacillus thuringiensis serovar aizawai cry39A and 39orf2 genes for  
DEFINITION mosquitoicidal toxin and Cry39ORF2 protein, partial and complete  
cde.  
ACCESSION AB074413 GI:19386613  
VERSION AB074413.2 GI:19386613  
KEYWORDS  
SOURCE  
ORGANISM  
REFERENCE  
AUTHORS  
TITLE  
JOURNAL  
REFERENCE  
AUTHORS  
TITLE  
JOURNAL  
COMMENT  
FEATURES  
SOURCE

1 Ito, T., Sahara, K., Bando, H. and Amano, S.  
Cloning and Expression of Novel Crystal Protein Genes cry39A and  
39orf2 from Bacillus thuringiensis subsp. aizawai Bunt-14 Encoding  
Mosquitoicidal Proteins  
Insect Biotechnol. Sericulture 71, 123-128 (2002)  
2 (bases 1 to 3727)  
Ito, T., Sahara, K., Amano, S. and Bando, H.  
Direct Submission  
Submitted (14-NOV-2001) Takeshi Ito, Graduate school of  
Agriculture, Hokkaido University, Applied Bioscience, Kita 9-Jyo,  
Nishi 9-chome, Kita-ku, Sapporo, Hokkaido 060-8589, Japan  
(E-mail: ito-tea@agr.hokudai.ac.jp, Tel: 81-011-706-2487,  
Fax: 81-011-706-2487)  
On Mar 12, 2002 this sequence version replaced gi:16945768.  
Location/Qualifiers  
1..3727  
/organism="Bacillus thuringiensis serovar aizawai"  
/mol\_type="genomic DNA"  
/isolate="Bunt-14"  
/sub\_species="aizawai"  
/db\_xref="taxon:1433"  
1..1983  
/gene="cry39A"  
<1..1983  
/gene="cry39A"  
/codon\_start=1  
/transl\_table=11  
/product="mosquitoicidal toxin"  
/protein\_id="BAB72016.2"  
/db\_xref="GI:19386614"  
/translation="MNSYENKVEYLINDSKKSNMNPILRYPLANDSLAAMONTNYK  
DMLTWCDDTDDVSSRGAVSTGVMLSITLISLPIGLGIDILGAADPMSKNDP  
GCHQYTEDLANHIELENDERLEKRTTALDDLRKALLDLPDAPDSKNDP  
IAKNVGVFEVDVTHFVDMASIFSATNYEVLLPVAQANLHLLEKVGISR  
WAGPADAFYHDLKTYAIYANHCVTYNNGLAQOKELFASPYMNFENARIMTI  
TVLIDILPEPTDARLYTKPIKELTRELISDVLNLDYGVQOTLNTKEAFTRSPH  
LVTRLRGDFYTRTYAARVYLAGHTNYSFTNGNTIYSSSNMNYNDMDMTSTINIP  
DYANTYKMTSYNTISPTDPVGSOMQFSLTNNQCLTYTGSAPKPVAPREPEIP  
PTDEKPLTYENTSHLSWTSAQHFQDKKIGTFPMWESVDPRKVDKTIQIPAV

Qy 1 GTGAGTCTATGTTTAACTAGTACGAATAATAGTAAATATGAAACGACAGATTAT 60  
Db 2042 GTGATCTTATGTTTAACTAGTACGAATAATAGTAAATATGAAACGACAGATTAT 2101  
Qy 61 GAATATGATCAAGCGCCATTCTATAGATATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 120  
Db 2102 GAATATGATCAAGCGCCATTCTATAGATATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2161  
Qy 121 AAAATATGATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 180  
Db 2162 GAATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2221  
Qy 181 CTCGAAATGAGACATTTCTG-----GSAATGATGACATTCGTATGATATATATC 234  
Db 2222 CTCGATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2281  
Qy 235 ATAGGATCAATATCTATTTTAAAGAAATTTCTACAGATCGTGAGACGAGAC 294  
Db 2282 ATCGAGAGATATGCGCGTTTAAAGACATTCCTTCAATATGTTGGGCAAGACAT 2341  
Qy 235 ATATATGATCTATTTTCCAACTATATCTGTCAAAAATATGATGATGATGATGATGATGAT 354  
Db 2342 ATGATGAGAACCTATTTTCCAACTATATCTGTCAAAAATATGAGAAATCTAAATTAATA 2401  
Qy 355 CCATATACAGTTATCGAGTAAGAGGTTTGGGAAAGTAAAGATTTGAAATTAATG 414  
Db 2402 CCATATACAGTTATCGAGTAAGAGGTTTGGGAAAGTAAAGATTTGAAATTAATG 2461  
Qy 415 GTACACGTTACGGGAAAGAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 474  
Db 2462 GTACACGTTACGGGAAAGAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2521  
Qy 475 ATGACGCTTAATCTTCAATGAGATATGCTGTGATATCATGCTCTCAGATATGAGC 534  
Db 2522 ATGACGCTTAATCTTCAATGAGATATGCTGTGATATCATGCTCTCAGATATGAGC 2581  
Qy 535 CAAGGATATCTTCAACG---AAGAGATGATATGCTCCGATATGATGATGATGATGATGATGAT 591  
Db 2582 CAAGGATATCTTCAACGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2641  
Qy 592 AATATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 651  
Db 2642 AATATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2701  
Qy 652 ACCGAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 711

ORIGIN  
Query Match 82.8%; Score 1395.8; DB 1; Length 3727;  
Best Local Similarity 90.1%; Pred. No. 1.1e-243;  
Matches 1519; Conservative 0; Mismatches 157; Indels 9; Gaps 2;  
KGDYLOXYVKGQGHGTGDLVSMIRTDRLGILNYPPOPLDYRIRIRYSTSNGLYI  
YSPNTKIVYLPPTLVDOQPTFPEDMDPSAPRVVVPAPFASVAGYNTFTIEAGRPV  
YIDKIEFIPDNTLTLEBGRDLKTKNAVNDLFTN"  
2051..3727  
/gene="39orf2"  
/gene="39orf2"  
2051..3727  
/gene="39orf2"  
/codon\_start=1  
/transl\_table=11  
/product="Cry39ORF2 protein"  
/protein\_id="BAB72017.1"  
/db\_xref="GI:16945770"  
/translation="MPLSNIKKTLKIEITDYEIDQAAISIECMSEHSSKEEMMLDSE  
VKQAKJLSKSNLNLNDGDFEVSNGKMTSNITIEIRENSPVKRGYTHLHPGARDIDTCL  
FPYTIYQKIESKLPYTRVYRVGVSSQKPLKLVTRTGEKIDMMNVPPDLATMOP  
TPSGDSRCESSRYSVQGPPTPVTDVAGSRVACQNSRTPVKKCDHRHFPDFIDT  
GELDTNTVIGIDVFXISNPDGATLGLLEVEBGLPTEALTHVKKQEKEMKQHEK  
KRMEFOOYDPAKQAVDALFTNEQELNHLITLIDIONADRLIOALPYVYHAMLPDAPG  
MNYDGYGNARIMQAYNLVDARVITNGDPTGGLTGMLHAGKAMVQOMDQASVYLVLS  
NMSAGVSONLHVQHHGMLRVILAKKGPCKGYTMMDCNRETLEKTSCEBGYMTK  
TVEVFPESDRVRIEIGETGTFYVDLSIELCMQGYASNNPHGTGQSYNGNTNQN  
TSDVYHQGYTNMNNQSNMNYNQNTHNDLHSGCTCQNGHNSCTCSQG"

Db	2702	ACCGGAAATTGATGACAAATACAAACGAGGATATTGATGCTTATTTTAAATTTCTAT	2761
Qy	712	CCAGATGAGTACGCTACAGTAGGGAAATGTAGAACTCATTTGAAGAAGACCACTAACAGT	771
Db	2762	CCAGATGAGTATGCTACATTTAGGGAAATCTAGAAAGCTATTGAAGAAGGGCCACTAACAGA	2821
Qy	772	GAAGCATTTGGCAGCATGTGAAACAAAGGAAAAAGAAATGAGAACACACATGGAGAAAAA	831
Db	2822	GAAGCATTTAACGCAAGTGTAAACAAAGGAAAAAGAAATGTAGAACACACATGGAGAAAAA	2881
Qy	832	GGTTGGGAAACACAAACGAGCCTATGATCAGGAAAAAGGGCTGTGATGCAATTATTACA	891
Db	2882	GGTTGGGAAACACAAACGAGCCTACGATCCAGAAAAAGGGCTGTAGATGCAATTATTACA	2941
Qy	892	AATGAACAAGAGTTACACTATCATTTACTTTAGATCATATTTCAAAACGCTGATGCACTG	951
Db	2942	AACGAAACAAGAGTTACACTATCATTTACTTTAGATCATATTTCAAAACGCTGATGCACTG	3001
Qy	952	GTACAGTGCATTCCTATGTATACCATTAATTTGGTTACCGAATGCTCCAGATATGAACTAT	1011
Db	3002	ATACAGGGAGATTCCTATGTGTACCATCTTGGTTACCGAATGCTCCAGATATGAACTAT	3061
Qy	1012	GATGATATTCGAAGGTTAAAGCCAGTATCATGCAAGGTTAATTTATATATGATGACAGA	1071
Db	3062	GATGATATTCGAAGGTTAAGCCAGTATCATGCAAGGCGTACAAATTTATATATGATGACAGA	3121
Qy	1072	AATGTCATTAACAAATGTGTACTTTACACAAGGATTAACAGGATGCGACGCAACAGAAAT	1131
Db	3122	AATGTCATTAACAAATGTGTACTTTACACAAGGACTTAACAGGATGCGACGCAACAGAAAG	3181
Qy	1132	GCCCGGGTACAACAATGTGAGGCTTCAATATTAGTTCTATCAAAATTTGAGCGCGGG	1191
Db	3182	GCAATGTGTACAACAATGTGAGGCGCTTCTGTATTAGTTCTATCAAACTGGAGTGCGGGG	3241
Qy	1192	GTATCTCAAACTTGCAGTGCCTACAGATCATCATATGGAATATGTGTATGCGTATGGCCAA	1251
Db	3242	GTATCTCAAACTTGCAGTGCCTACAGATCATGTGATATATGTATCGTGTATGTCTAA	3301
Qy	1252	AAAGAGAGACTGGAAAAAGGATGTGAACGATGATGATTTGTATATGAAACGAGGAAACA	1311
Db	3302	AAAGAGAGACTGGAAAAAGGATGTGAACGATGATGATTTGTATATGAAACGAGGAAACA	3361
Qy	1312	CTTAAATTCATTTCTTGGAGAGAGGATATATGACAAAAACATAGAGGATTTCCAGAA	1371
Db	3362	CTGAAATTCATTTCTTGTGAAGAGAGATATATGACAAAAGACAGTGAAGTATTTCCAGAA	3421
Qy	1372	AGTATCGGTATACGGAATGAATATGGAAGAACCGAAGGTACCTTTATATATGATGACATC	1431
Db	3422	AGTATCGGTATACGGAATGAATATGGAAGAACCGAAGGTACCTTTATATATGATGACATC	3481
Qy	1432	GAGTTGCTTTGTATCAAGATATATGAATATATTAACCTGCAACAGGGTAAATTTGTAT	1491
Db	3482	GAGTTGCTTTGTATGCAAGATATCTGCAATATTAACCCGACACCGGTTAATTTGTAT	3541
Qy	1492	GAGCAAAATTAATGAAATTAATATCAAAATTAACAGATGTGTATTAACCAAGGTAAT	1551
Db	3542	GAGCAAAATTAATGAAATTAATATCAAAATTAACAGATGTGTATTAACCAAGGTAAT	3601
Qy	1552	ACAAACAACATTAACCAAGACTTAATATATATGTTATCAAAATTAATATCAACATGAT	1611
Db	3602	ACAAACAACATTAACCAAACTTAATATATATGTTATCAAAATTAATATCAACATAT	3661
Qy	1612	GACCTGCATTCGGTTGACATGTAAACCAAGGGCACTACCTGCTGTACATGTATCAAA	1671
Db	3662	GACCTGCATTCGGTTGACATGTAAACCAAGGGCACTACCTGCTGTACATGTATGTCAA	3721
Qy	1672	GGATTA 1676	
Db	3722	GGATTA 3726	

AB112346	LOCUS	AB112346	4100 bp	DNA	linear	BCT 14-JUN-2003
	DEFINITION	Bacillus thuringiensis serovar aizawai cry40-like and ORF2 genes for putative mosquitocidal toxin, hypothetical protein, complete cds.				
ACCESSION	VERSION	AB112346				
KEYWORDS	SOURCE	AB112346.1	GI:31745043			
ORGANISM		Bacillus thuringiensis serovar aizawai				
REFERENCE	AUTHORS	Bacillus thuringiensis serovar aizawai				
TITLE		Bacillus thuringiensis serovar aizawai				
JOURNAL		Cereus group.				
AUTHORS		Ito, T., Sahara, K., Asano, S. and Bando, H.				
TITLE		Cloning and Expression of Novel Crystal Protein Genes from Bacillus thuringiensis subsp. aizawai Encoding Mosquitocidal Proteins				
JOURNAL		Unpublished				
AUTHORS		2 (bases 1 to 4100)				
TITLE		Ito, T., Sahara, K., Asano, S. and Bando, H.				
JOURNAL		Submitted (12-JUN-2003) Takechi Ito, Graduate School of Agriculture, Hokkaido University, Department of Applied Bioscience, Kita-5jyo, Nishi-9chome, Kita-ku, Sapporo, Hokkaido 060-8569, Japan (E-mail: ito-t@ads.agr.hokudai.ac.jp, Tel:81-11-706-2487(ex.2487))				
FEATURES	SOURCE	Location/Qualifiers				
		1..4100				
		/organism="Bacillus thuringiensis serovar aizawai"				
		/mol_type="genomic DNA"				
		/strain="Bun1-14"				
		/serovar="aizawai"				
		/db_xref="taxon:1433"				
		267..273				
		/note="putative"				
		279..2279				
		/gene="cry40-like"				
		279..2279				
		/gene="cry40-like"				
		/codon_start=1				
		/transl_table=1				
		/product="putative mosquitocidal toxin"				
		/protein_id="BAC77648.1"				
		/db_xref="GI:31745044"				
		/translation="MNSYQKNXEYLKSSPNTNTI PNRYPANDRMSFMSNDCOG SPNWDVESFASFGIDILITLFGESPIITGMLTSFVLEKLPSCGNVASLSICDILL SIRKEVDASVLPDAGDPNGVNNVOTYLTLLKKMLDAGKPTTGQLTLDVTKHPEF SEEPENALLKGSIRPKGELLPLPYOGANLILILSDVOYKAWEKELPRNTES VLIDIAIFPYDFENYKSETHIELSRVYTDPPGVNGEONLNGFVTELANSTRGPG NIDWKXIDIFITDEVTVEYSGMSPVALILGMAGTRHVEIYSGSSNTLORISGTSNDVS NIDINRSIFITSLARVALAGAAGPSPRYRARSVERSGRYTFLEVNSPGIS SMTRESLPGVNAKGTDFYFNRLSNAAQCFQFSRVNVMGTHISMBEENYYPKTI TOTPAYKAMEIRGMSVYVAGPGHGTGCLNLSYHWSVILFTCOOLKRYAVRIRYADV GNQCLAMRRRGCGFYQEARHTYQRTFSMSYTDSEKYDITFTMAEDYTPOLLTDL ESGGALYIDKIEFIPLDILTLEYEBEENLEKTYNAVDLFTN"				
		2348..3949				
		/note="ORF2"				
		/codon_start=1				
		/transl_table=1				
		/product="hypothetical protein"				
		/protein_id="BAC77649.1"				
		/db_xref="GI:31745045"				
		/translation="MFTSGAKNTLKIEITDYEDIDOAISIECMSDEHSPEKRWLMDSE VKAKLISGRNLNLDGDEPDGSDNMTFSENDIILIGSNNSIPKGNFLQMGADIDYGT LEPFYIYOKIDESLKKRYTRVYRGVFGSSKMLWYTRGKELIDAIMVDNDSVYQ PSCSGCGRESSSRVYNGVPTPTDGYASDMWACPSNSEKHYVCKDRHPDPIIDT GELDPTNVGSDIVLPRKSNPDYATLGNLEVIEEGPTGALTHYVQKCKRMQMKMKR KRETQGTVPARQAVDTLFTNEQLHYHLLTHIQNADLVOSIPITHDMLPDAG MNYDGYGLNARIMQAYMLYDANVYITNGDPTGLQGMHAAAGAAVQ04DASVLYS NMSGYSQNLHQADHGYMLVIAKKEGPKGYITMDCNGDNETLFTSCBEGYMTK TVEFYSDRIVRIEIGTEGTFYVDSIELLCMGYASNNNNPHGTNNMYGQSYNGVYTN DLIHSQGTTCNCGNSGCTCNGVNR"				

Query Match	79.2%	Score 1335	DB 1	Length 4100
Beech Local Similarity	90.4%	Pred. No. 1.2e-232		
Matches 1454	Conservative 0	Mismatches 140	Indels 15	Gaps 2
QY	1	GTGAGTCCATGTTTACAAAGTAGTACGAAAAATACGTTAAAAATGAAAAACGACAGATTAT	60	
DB	2339	GTGAGTCCGAGTCTTTACAAAGTGTGCGAAAAATACGTTAAAAATGAAAAACGACAGATTAT	2398	
QY	61	GAATATGATCAAGCGGCATTTCTATAGATGTATGTCAGATGAACAAATCTCAGGAA	120	
DB	2399	GAATATGATCAAGCGGCATTTCTATAGATGTATGTCAGATGAACAAATCTCAGGAA	2458	
QY	121	AAAAATATGTTATGGGATGAAATAAACTGCGAAAAACAATTAGTCAGTCTGTATATCTA	180	
DB	2459	AAAAATATGTTATGGGATGAAATAAACTGCGAAAAACAATTAGTCAGTCTGTATATCTA	2518	
QY	181	CTCCAAATATG-----AGACTTTTCTGGGAATGATGGACATTCGGTATGATAT	231	
DB	2519	CTCCAAATATGGGACTTTGAAAGACTTTTCTGAAATGATGGACATTCAGTATATGACAT	2578	
QY	232	ATCATAGGATCCAAATATCTATATTTTAAAGGAAATTTCTACAGATGCTGGACACGA	291	
DB	2579	ATATATAGGATCCAAATATCTATATTTTAAAGGAAATTTTCTACAGATGCTGGACACGA	2638	
QY	292	GACATATATGGAACCTCTATTTCCAACTATATCTGTCAAAAAATATGATGAGTCTAAATTA	351	
DB	2639	GATATATATGGAACCTCTATTTTCCAACTATATCTATCAAAAAATATGATGATCTAAATTA	2698	
QY	352	AAACCATATACGCTTATCGAGTAGAGGGTTTGGGGAAGTAAAGTATGAAATTA	411	
DB	2699	AAACCATATACGCTTATCGAGTAGAGGGTTTGGGGAAGTAAAGTATGAAATTA	2758	
QY	412	ATGATTAACGCTTACGGGAAAGAAATGATGCTATCATGATGTTCCAAATGATTGGCC	471	
DB	2759	ATGATTAACGCTTACGGGAAAGAAATGATGCTATCATGATGTTCCAAATGATTGGCT	2818	
QY	472	TATATGAGCTTAAATCTTCAATGTGAGATTATCGCTGTGAATCATCGCTCTAGATGTG	531	
DB	2819	TATATGAGCTTAAATCTTCAATGTGAGATTATCGCTGTGAATCATCGCTCTAGATGTG	2878	
QY	532	AGCCAAAGGTTATCTTACACCAACAGATGATATGCTCCGATATGATGATGCCGCA	591	
DB	2879	AAACCAAGGTTATCTTACACCAACAGATGATATGCTTCTGATATGATGATGCCGCTCA	2938	
QY	592	AATATATGATAGAAACATGTGATGATGTCAGATCTCATCTTCAATTTTCAATATGAC	651	
DB	2939	AATATGATGATAGAAACATGTGATGATGTCAGATCTCATCTTCAATTTTCAATATGAC	2998	
QY	652	ACCGGAAGATGATGATCAAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT	711	
DB	2999	ACCGGAAGATGATGATCAAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT	3058	
QY	712	CCAGATGATACCGTACAGTAGGGAATCTAGAAAGCATTTGAAAGAGGACCACTAACAGT	771	
DB	3059	CCAGATGATATGCTACATTTAGGGAATCTAGAAAGCATTTGAAAGAGGACCACTAACAGG	3118	
QY	772	GAAGCATTTGCGCATGTGAAACAAAAGGAAAGAAATGGAACCAACATGAGAAAAAA	831	
DB	3119	GAAGCATTTAAGCGCATGTGAAACAAAAGGAAAGAAATGGAACCAACATGAGAAAAAA	3178	
QY	832	CGTTGGGAAACCAACAGCTTATGATCCAGAAAAACAGGCTGTAGATGATTTTACA	891	
DB	3179	CGTTGGGAAACCAACAGCTTATGATCCAGAAAAACAGGCTGTAGATGATTTTACA	3238	
QY	892	AATGAACAAGATGATCACTATATTTACTTATGATCATATTCAAACGCTGATGACG	951	
DB	3239	AATGAACAAGATGATCACTATATTTACTTATGATCATATTCAAACGCTGATGACG	3298	
QY	952	GTAACGTGATTCCTATGATATACCAATATGTTGTTACCGAATGCTCCAGATATGAACTAT	1011	
DB	3299	GTAACGTGATTCCTATGATATACCAATATGTTGTTACCGAATGCTCCAGATATGAACTAT	3358	
QY	1012	GATGATATCAAGATTAAGCAGTATCATGCAAGGTTATATTTATATGATGACAGA	1071	

DB	3359	GATGATATCAAGGTTTAAAGCAGATATCTATGACGGGCTACATTTTATATGATCAGCA	3418	
QY	1072	AATGTCATTAACAAATGATGATCTTTACACAGAGATTACAGGATGCGACCAACAGAAAT	1131	
DB	3419	AATGTCATTAACAAATGATGATCTTTACAAAGAGATTACAGGATGCGACCGGAAAG	3478	
QY	1132	GCCGCGGTACCAAAATGATGAGCTTCAATTTAGTTCTATCAAAATTTGACGCGGGG	1191	
DB	3479	GCAGCGGTACCAACAGATGATGAGCGCTTCTGATTTAGTTCTATCAAACTGAGTGCGGGG	3538	
QY	1192	GATCTCAAAACTTGATGATCAAGATCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT	1251	
DB	3539	GATCTCAAAACTTGATGATCTCAAGATCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT	3598	
QY	1252	AAAGAAAGACCTGGAAGGATATGTAACGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT	1311	
DB	3599	AAAGAAAGACCTGGAAGGATATGTAACGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT	3658	
QY	1312	CTTAAGTTCATCTTCTTGCGAAAGAGATATATGACAAAAACATGAGATATTTCCAGAA	1371	
DB	3659	CTTAAGTTCATCTTCTTGCGAAAGAGATATATGACAAAAACATGAGATATTTCCAGAA	3718	
QY	1372	AGTATGCTGATACGATTTGAATAGAGAGAACCGAAGGTACATTTATATAGATGATC	1431	
DB	3719	AGTATGCTGATACGATTTGAATAGAGAGAACCGAAGGTACATTTATATAGATGATC	3778	
QY	1432	GAGTTCCTTTGATGCAAGATATGATTAACATATTAACCTGACACGCGGTATATGAT	1491	
DB	3779	GAGTTCCTTTGATGCAAGATATGATTAACATATTAACCTGACACGCGGTATATGAT	3838	
QY	1492	GAGCAAGTTATATGAAATTAATTAACAAATTAACCTAGCATGCTATTTACCAAGGAT	1551	
DB	3839	GAGCAAGTTATATGAAATTAATTAACAAATTAACCTAGCATGCTATTTACCAAGGAT	3892	
QY	1552	ACAAACATTAATTAACCAAGACTCTAGTAATATGATTAATTAACAAATTAATTA	1600	
DB	3893	ACATGTAACCAAGGCAATACCTGCTGCTACATGATTAACAGATATA	3941	

RESULT 6  
 AB125059  
 LOCUS 3752 bp DNA linear BCT 28-OCT-2003  
 DEFINITION Bacillus thuringiensis serovar entomocidus cry30Aa like gene for  
 putative mosquitocidal toxin and hypothetical protein gene,  
 complete cds.  
 ACCESSION AB125059  
 VERSION AB125059.1 GI:37999233  
 KEYWORDS  
 SOURCE  
 ORGANISM  
 .  
 Bacillus thuringiensis serovar entomocidus  
 Bacillus thuringiensis serovar entomocidus  
 Bacteria; Firmicutes; Bacillales; Bacillaceae; Bacillus; Bacillus  
 cereus group.  
 REFERENCE  
 1 Ikeya, T., Yamaya, K., Ito, T., Sahara, K., Bando, H. and Asano, S.  
 Cloning and Expression of Novel Crystal Protein Genes from *Bacillus*  
*thuringiensis* subsp. *entomocidus* INA28  
 JOURNAL  
 Unpublished  
 2 (bases 1 to 3752)  
 Ikeya, T., Yamaya, K., Ito, T., Sahara, K., Asano, S. and Bando, H.  
 Direct Submission  
 Submitted (24-OCT-2003) Tomonori Ikeya, Graduate School of  
 Agriculture, Hokkaido University, Department of Applied Bioscience,  
 Kita-9jo, Nishi-9chome, Kita-ku, Sapporo, Hokkaido 0608589, Japan  
 (E-mail: ikeyan@agr.hokudai.ac.jp, Tel: 81-011-706-2487 (ex. 2487),  
 Fax: 81-011-706-2487)  
 FEATURES  
 source  
 location/Qualifiers  
 1..3752  
 /organism="Bacillus thuringiensis serovar entomocidus"  
 /mol\_type="genomic DNA"  
 /strain="INA28"  
 /serovar="entomocidus"  
 /db\_xref="taxon:1436"

```
gene
1..2052
/gene="cry30Aa like"
1..2052
/gene="cry30Aa like"
CDS
1..2052
/codon_start=1
/product="putative mosquitoicidal toxin"
/protein_id="BAD00052.1"
/db_xref="GI:37999234"
/translation="MNPYQKTEYEILDALFNYSNMNVAARYPLANNPOVPLONTSY
KDWLNMCTINPLCTPIINIDIDSLAIAVVGSLIALIPGGEAIGPLGFTSTLPI
LMPNGERTKIWDPAERGLQFRPELGGDAIEILVTGVSKGYNAIAKRNENPEQAFPM
KGNTRSNAEQVDFPDSRDVIDLKNIDYINPENKPAFINLAQTNIDILIDYORG
AVYGDMEKIDNGISIPMSGKDYESI.KTIEETNYCAETRNLSLILKXPNISW
DTYKRYREATLGLADLVALFPYNDMHLXPAAKTETLPRKIYMPSPGLQSNYPSLSE
GLENALTHPESELFTWLBELNLVYRENFNPLQVSSLSGLQARSRYTONFTILNPAQ
GVNKGSTQIGLNLFPYKLSMSQYHHNDOSIAGISDMFTKSDYNGNSATQYQA
AGRNNTNVITFNNGPOKASSNNISIKQTHIISDIKMIYFRGCVQYVDFQSFPA
WTTSSVDPDNLIVPNRIQIPAVKALGISTSKVKGVPGLDLILKLOATYRIKT
DHANTRYKIRVRYASNANTPIVLSLQNTLVTFPPTTHSTISLQYKDYVTFPG
EPIMDKPSIDVAIRGVQNDRNDIMDRIEPLPIQSVLDYTBEOINIEKQAVNDLPI
N"
2115..3752
/note="ORF2"
/codon_start=1
/translation="hypothetical protein"
/protein_id="BAD00053.1"
/db_xref="GI:37999235"
/translation="MFTSGTKMLKIEETDYEIDRVANSIENMSDBOHSQKMLMDE
VKHAKLSQSRNLQNGDFEDLFGMTSTNMSIOSDPAETKGVLYNNGARDIYGTI
FPYIYQIDSKLKPTRYRLVRFVSGKELELVNRVYGEIDITINVPDIPYBS
MPVENEYIDGEOQLXSNQNVYNNPMPSPMSYSTSDACQCPKGRKHYQDSHPKPH
IDTGBVDKTNLGIWLVKLSIPSGIATLDELEVEBSPVGEALAHYQKQKRNQH
MEKRMETKQAVDAQKQVDALEFGEALHVTLSQIKNAQLVQSLPYVNEMLPDV
PGNMYDLYOEILNARIMQARVLYDARNVTNNGFTQGLQMGNAEGBVEQONQSGVLV
LSNMSGVSONLHYOHHCYGLRVASAKKEGKGVYTMGNGKCEKTLTLPSCGGVM
TKTYEVPESDRVRIEIGETGSPYISIEILCMNGYTRKNNQNSMNYDQSYNYS
QNTSDMYQNTNRYEQAGCTCMQGNNGCTCNGC"
```

## ORIGIN

```
Query Match 57.6%; Score 970.4; DB 1; Length 3752;
Beet Local Similarity 76.8%; Pred. No. 1.9e-166;
Matches 1245; Conservative 0; Mismatches 356; Indels 21; Gaps 4;

QY 1 GTGAGCTCTATGTTTACAGTAGTACGAAAAATACGTTAAAAATGAAAACGACAGATTAT 60
Db 2106 GTGATTCATATGTTTACAGTAGTACGAAAAATACGTTAAAAATGAAAACGACAGATTAT 2165

QY 61 GAAATAGTCAAGGGCCATTCTATAGATGATGTCAGATGAAACAAATCCTCAGGA 120
Db 2166 GAAATAGTCAAGTGGCAAAATCTATAGAGATATGTCAGATGAAACAAATCCTCAGAGG 2225

QY 121 AAAATAATGTTATGGATGAAATAAATCTGCAAAACAACTTATGTCAGTCTCGTANTCTA 180
Db 2226 AAAATGATGTTATGGATGAAAGTAAACATGCAAAACAGCTCAGTCACTCGTATTTTA 2285

QY 181 CTCGAAAATGGAACCTT-----TTCGGGAATGATTGGAACATTCGGTATGATTTATTC 234
Db 2286 CTCGAAAATGCGATTTTGAAGATTTATTTAGCGGCTGGACTACAAAGTAATCATATGCTC 2345

QY 235 ATAGAGTCCAAATATCCATTTTAAAGAAAAATTTCAAGATGCGTGGAGACAGAAAC 294
Db 2346 ATTCAGTGGATTAATGCTACTTTTAAAGGAATTAATTCGAATATGTTCTGGGGCAGGAAC 2405

QY 295 ATATATGGAACCTATTTTCCAACTATCTGTCAAAAATAAGATGAGTCTTAATTTAAAA 354
Db 2406 ATATATGGAACGATTTTCCAACTATTTTCAAAAATAAGATGAGTCTTAATTTAAAA 2465

QY 355 CCAATATACAGTTATCGAGTAAAGAGGTTTGTGGAGAGTAAAGATTGAATTTAATG 414
Db 2466 CCCTATACACGTTATCTGTAAAGAGGTTTGTGGAGAGTAAAGACTGAATTTAGTG 2525
```

```
QY 415 GTAACAGTTACGGGAAAGAAATGATGCTATCATGATGTTCCAAATGATTTGGCCTAT 474
Db 2526 GTAAATGCTTACGGAAGAAAGAAATGATGCTATCATGATGTTCCAAATGATTTGGCCTAT 2585

QY 475 ATGCAAGCTTAATCCTTCATGT-----GAGATTAATGCTGTGATCATGCTTCAGTAT 528
Db 2586 GTACCTTCTATGCTGCTGTGTAATGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2645

QY 529 GTGAGCAAGGGTATCTCTACCAACCAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 582
Db 2646 GGGAAATGAGATTAATTAATTCCAATGCCAGTTTCTATGCTTTTACACATCTGATGCT 2705

QY 583 TGCCCCGAAATATATAGATAGAAAGCATGTGAAGTGTGACGATGCTCATTCATTTGATTTT 642
Db 2706 TGTAGTGTATGCCAGCAAAAACATGTGTATGTCAAGATTTCTCATCATTTCAAGTTT 2765

QY 643 CATATGACACCGGAGAGATGATACAAATACAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 702
Db 2766 CATATGATACAGGTGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2825

QY 703 ATTTCTAATCCAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 762
Db 2826 ATCTTTTCCCCAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2885

QY 763 CTAACAGGTGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 822
Db 2886 GTAAAGAGCGAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2945

QY 823 GAGAAAAACGTTGGGAAACAAACAAAGCTTATGATCAGCAAAACAGGCTGTGATGCA 882
Db 2946 GAGAAAAACGAAATGAGAAACAAAGCAAGCTTATGATCAGCAAAACAGGCGGTGATGCA 3005

QY 883 TTATTTCAAAATGAAACAAAGATGATCATATCATATTTTAAATCATATTTCAAAAGCT 942
Db 3006 TTATTTTACA--GGCGAGGATTAATCATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3062

QY 943 GATGACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1002
Db 3063 AATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3122

QY 1003 ATGAACTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1062
Db 3123 ATGAACTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3182

QY 1063 GATGACAGAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1122
Db 3183 GATGACAGAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3242

QY 1123 ACAGAAATGCGCGGATGACAAACAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1182
Db 3243 GAAAGAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3302

QY 1183 AGCGGGGGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1242
Db 3303 AGTTCTGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3362

QY 1243 ATTCGCAAAAAGAAAGAACCTGGAAGAGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1302
Db 3363 AGTCGAAAAAGAAAGAGGCTGGAAGAGGCTGGAAGAGGCTGGAAGAGGCTGGAAGAGGCT 3422

QY 1303 CAGGAAACACTTAATGATCACTTTCTTGGAGAAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1362
Db 3423 CAGGAAACACTTAATGATCACTTTCTTGGAGAAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3482

QY 1363 TTCCCAAGAAAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1422
Db 3483 TTCCCAAGAAAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3542

QY 1423 GATAGCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1482
Db 3543 GAAAGCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3602

QY 1483 AATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1542
```



823 GAGAAAAACGTTGGGAAACCAACAGCCTATGATCCAGAGAAACAGCGTGTAGATCA 882  
3137 GAGAAAAAGCCGATGGAACCAAGACCTATGATCCAGAGAAACAGCGGTATATCA 3196  
883 TTATTTACAAATGAAACAGAGTTTACATATCATTTATTTAGATCATATTTCAAAACGCT 942  
3197 TTATTTTACA---GGGGAAGAGCTATATATATGTTTACATTTGTCTCAGATTTAAGAACCT 3253  
943 GATGACCTGTTACAGTGCATTTCCATATGATTCATTAATTTGGTTTACCGAATGCTCCAGGT 1002  
3254 AATCGTTGGTGCATGATTCATTCATATGATACCAATGAGTGGTTACCGGATGTTCCAGGT 3313  
1003 ATGAACCTATGATTTATTCAGAGATTAAACGACGATTCACGAGGTTATTAATTTAT 1062  
3314 ATGAACCTATGATTTATTCAGAGATTAAACGACGATTCACGAGGTTATTAATTTAT 3373  
1063 GATGACCAAAATGTCATTAACAATATGATCTTTACACAGGATTACAGGATGCGACGCA 1122  
3374 GATGACCAAAATGTCATTAACAATATGATCTTTACACAGGATTACAGGATGCGACG 3433  
1123 ACAGGAAATGCCCGGTCACAAATGGAATGAGCTTCAATTTTGTCTTCAATTTGG 1182  
3434 GAAGGAAATGTCATTAACAATATGAGCTTCAATTTTGTCTTCAATTTGG 3493  
1183 AGCGGCGGGGATCTCAAAACTTGATCTCAAGATTCATTCATGATTTGTTAGTGTG 1242  
3494 AGTTTGAATGATCTCAAAACTTGATCTCAAGATTCATTCATGATTTGTTAGTGTG 3553  
1243 ATTGCAAAAAGAAAGACCTGGAAGAGGATATGTAACATGATGATTTGTAATGGAAG 1302  
3554 AGTGCAAAAAGAAAGAGGCTGGAAGAGGATATGTAACATGATGATTTGTAATGGAAG 3613  
1303 CAGGAAACACTTAAGTCACTTTCTTGCGAAGAGATTTATGACAAAACAGTAGAGTA 1362  
3614 CAGGAAACACTTAAGTCACTTTCTTGCGAAGAGATTTATGACAAAACAGTAGAGTA 3673  
1363 TTCCAGAAAGGATCGTGTACGATGTAAGAAATGAGAAACGGAAGGATCAATTTATATA 1422  
3674 TTCCAGAAAGGATCGTGTACGATGTAAGAAATGAGAAACGGAAGGATCAATTTATATC 3733  
1423 GATGACATCGATGCTTTGATATGCAAGATATGATTAACAATTAATTAATCTGACACGGGT 1482  
3734 GAAAGCATCGAATGATTTGATATGAAACGATATATACCAATTAATTAATGACAGAAATGAGT 3793  
1483 AATATGTTAGCAAAATTTATATGAAATTTATTAATCAAAATCTAGCGATGTGATTAC 1542  
3794 AATATGTTAGCAAAATTTATATGCGCAATTAATACCGAAATACCTAGCAATAT----- 3846  
1543 CAAGGATTAACAACATTAACAAGACCTAGTATATGATTAATCAAAATTTATATCT 1602  
3847 -----GTAATTAATTAACAATTAATTAACAACATGCGGATTTGATGTTATCAAGGTTATATAC 3901  
1603 AACATG 1609  
3902 AATGTTG 3908

RESULT 8  
BUT65 4391 bp DNA linear BCT 18-APR-2005  
LOCUS B.thuringiensis cry19aA gene & ORF2.  
DEFINITION Y07603  
ACCESSION Y07603.1 GI:2624004  
VERSION Y07603.1 GI:2624004  
KEYWORDS cry19aA gene; mosquitocidal toxin; ORF2.  
SOURCE Bacillus thuringiensis  
ORGANISM Bacillus thuringiensis  
Bacteria; Firmicutes; Bacillales; Bacillaceae; Bacillus; Bacillus cereus group.  
REFERENCE 1  
AUTHORS Roaso,M.L. and Delecluse,A.  
TITLE Contribution of the 65-kilodalton protein encoded by the cloned gene cry19A to the mosquitocidal activity of Bacillus thuringiensis

JOURNAL subsp. jegasethesan  
PUBMED Appl. Environ. Microbiol. 63 (11), 4449-4455 (1997)  
REFERENCE 9361431  
2 (bases 1 to 4391)  
AUTHORS Delecluse,A.  
TITLE Direct Submission  
JOURNAL Submitted (20-AUG-1996) A. Delecluse, Institut Pasteur, Unite des  
Bacteries Entomopathogenes, 25 rue du Dr. Roux, 75724 Paris Cedex  
15, FRANCE  
REMARK revised by submitter 16-SEP-1997  
FEATURES  
source Location/Qualifiers  
1. .4391  
/organism="Bacillus thuringiensis"  
/mol\_type="genomic DNA"  
/isolate="367"  
/end\_species="jegasethesan"  
/db\_xref="taxon:1428"  
/clone="JEG65-1"  
707. .2665  
/gene="cry19aA"  
707. .713  
/gene="cry19aA"  
/note="putative"  
719. .2665  
/gene="cry19aA"  
/codon\_start=1  
/transl\_table=1  
/product="mosquitocidal toxin"  
/protein\_id="CAA6875.1"  
/db\_xref="GI:2624005"  
/db\_xref="GOA:O32307"  
/db\_xref="InterPro:IPR001178"  
/db\_xref="InterPro:IPR005639"  
/db\_xref="InterPro:IPR008979"  
/db\_xref="UniProt/SwissProt:O32307"  
/translation="MHYGNRNEVDILNASSNDSNMSNTYPRYPLANPODLMONTNY  
KDMLNVEGHIENPREASVADGAGKGIYSTIVFGGSIIDTIGLPTQISELM  
PEDDPOGYMODIMNHYEDLIDKRTIEVFGNATIRTLADIGKVDVNNMLKKKKDDP  
KSTGNLSLVTKTALDSDPNGAIRTYNNOCSPGYELLIPYAQIANLHLILRLDQ  
IYDQKWSANARNDNYQLKRTYETBYCINWYNGILNDRFPAQVNFNRYRE  
MTLTVLIDILSPFIYDARLYPTEVKELTBEIYSYDNGSIYGLMTPYFSEKAEISLY  
TRAPHLFTMLKGFRTVNSISYTFPLSGGQKYSYTNSSINSGSPFGQDTDVGTS  
TINPSNYSYVNIATENYEXIYPMGDVNIITKNFSTONNSKELLYGARITNKPVY  
RTPEDRLTNKECTEILAKYNDYNNHLSYMLNGSTFGQKRGYSAPFTHSSVDPPNTA  
ANKITQIPVYKASINSISIEKPGGTGDLVNRADSLTMRFAELDKKRVAT  
RYKCNYSKILIRKMGEGYIQQIHNIISPYGAFYLESFTITTENIFDLTWEVY  
PYGROFVEDIPSLIDKIEFLPTN"  
2808. .4388  
/note="ORF2"  
/codon\_start=1  
/transl\_table=1  
/product="unknown protein"  
/protein\_id="CAA68876.1"  
/db\_xref="GI:2624006"  
/db\_xref="GOA:O32308"  
/db\_xref="UniProt/TrEMBL:O32308"  
/translation="MLTSGAKMLKLETDIYEIDQMANAIEENSGEYISQKXMQHND  
IKYAKOLSOARNLQNGDFEDLPSGWTSSQMSIQADNATFKNYLHMSGARDIYGTI  
FPTVIYOKLIDESKLKPYTRLYVGFVSSGSDLELMWRVKEIDVTWNVNDLPYVS  
MPVCNELYDGOCPYPRNHVGYVNPMPVSPSYSDCOCTPGKXHVCHDSHOFKPHI  
DTGEVDYNTMLIWLFKISPDGYATLIDLLEYISGAPVGAIVTHVKKKKKNOOM  
EKXRMETKRYVDRKQAVDALPTGEELNDVLTLSHINKMDLVOSIPLYNEMNLDPDP  
GMVYDIYOEINARIIMQRYLYDARNYITNSDPFOGLOGRABEKEVQOQNGISVLYL  
SNSSGVSQMLHVQHPHGYLRLVSAKESGSKGYVTRMSGNGKQETLTFTFSCDGAT  
KTVEVPEPSDRVRIEIGETGFSYIEISIELICMNGYTSNNQMSNIDOSYGSNYSQ  
NTSDMYDQGSVAKFEKE"  
4359. .4377

repeat\_region  
ORIGIN  
Query Match 54.3%; Score 914.8; DB 1; Length 4391;  
Best Local Similarity 76.0%; Pred. No. 2.3e-156;

Matches 1187; Conservative 0; Mismatches 357; Indels 18; Gaps 4;				
Qy	1	GTGAGTCTATGTTTACAAAGTAGACGAAAAATACGTTAAAAATAGAAACGACAGATTAT	60	
Db	2799	GTGAATTTTATCTTACAAAGTGCTGGAAAAATATGTTAAAACTCGAAACGACAGATTAT	2858	
Qy	61	GAATATGATCAACGGCCCATTTCTATAGAAATGATGTGAGTGAACAAAACTCTACAGAA	120	
Db	2859	GAATATGATCAATGGCGAATCTATAGAAAAATGTGAGTGAACAAATTTTCAACAGAA	2918	
Qy	121	AAATATGTTATGGATGAAATAAATCTGCAAAACAACTTAGTCAGTCTGTAATCTA	180	
Db	2919	AAATATGATCATGATGATACATTAATATGCAAAACAAATGAGTGAACAGATTAATTTA	2978	
Qy	181	CTCCAAATGGAAGCTT-----TTCGGGAATGATTGGAATTCGGTAATGATATTATC	234	
Db	2979	CTTCAAAATGTGATTTGAGATTTATTTAGTGTGATGACTCAAGTAATGATGATCTC	3038	
Qy	235	ATAGATCCAAATATCTTATTTTAAAGAAAAATTTCTACAGATGCTGAGACAGAGAC	294	
Db	3039	ATTACGGCAGATTAATGCACTTTTAAAGGAACTATCTGCAATATGCTGGGCGAGAGAC	3098	
Qy	295	ATATATGGAATCTATTTTCCAACTATCTGTCAAAAAATAGATGAGTCTAATTTAAA	354	
Db	3099	ATATATGGAACGATATTTCCAAAGTATATACAAAAATGATGAAATCCAAATTTAAA	3158	
Qy	355	CCATATPACCGTTATCGAGTAAAGAGGTTTGTGGGAAGTAGTAAGATTGAATTTAATG	414	
Db	3159	CCGATATACCGCTTATCTAGTCAGGGGATTTGTGGGAAGTAGTAAGATTGAATTTAATG	3218	
Qy	415	GTAAACGTTTACGGGAAAAAGAAATGATGCTATCAGAAATGTTCCAAATGATTGGCTAT	474	
Db	3219	GTAAATCGTTATGAAAAAGAAATGATGCTATCAGAAATGTTCCAAATGATTGGCTAT	3278	
Qy	475	ATGCAGCTTATCTTTCATGT---GAGATTTATCCGTGAAATCAATCGTCTAGATGTG	531	
Db	3279	GTACCTTCTATGCCGTCTGTAAACGAATTTATGATGTCAACAAACCGTATCCAAATAG	3338	
Qy	532	AGCCAAAGGTATCTTACACCAACAGATGAT-----ATGCTCCGATATGATGATGAC	585	
Db	3339	CATGTAGATATTTATATATCATGCAAGTTTCTCAGCCCTTTCACATCCGATCTGT	3398	
Qy	586	CCGCAAAATATATGATGAAAGATGGAAGTGTCCAGATCCGATCTTCAATTTTTCAT	645	
Db	3399	CAGTGTACGCCCGCAAAAAACATGTGTATGTCTCATGATTCATCAATTCAGTTTCAT	3458	
Qy	646	ATTGACCCGAGAGATGATACAAATACAAATGTGATTTGATGATCTTATTTAAAAAT	705	
Db	3459	ATTGATCGGGGAAAGTATACATACAAATCTAGAAATTTGGGTGTGTTTAAAAATC	3518	
Qy	706	TCTAATCCAGATGATACGCTACAGTAGGAAATCTAGAAATGATGATTTGAAGAGACCACTA	765	
Db	3519	TCTTACCCGATGCTACGCGACATTAAGTAAATTTAGAAATGTAAGAGGACCAAGTA	3578	
Qy	766	ACAGGTGAAGCATTTGGCACAATGTGAACAAAGAAAAAGAAATGCAAAACAATGAG	825	
Db	3579	AGAGCGGAAGCAGTACACATGTAAACAAAGAAAAAGAAATGCAAAATGAGAAATGAG	3638	
Qy	826	AAAAACGTTGGGAAACCAACAGGCTATGATCCAGCAAAACAGGCTGTAGATGATTA	885	
Db	3639	AAAAAGCCCATGGAACCAAGGAGTCTATGACCGAGCAAAACAGGCGGTAAATGATTA	3698	
Qy	886	TTTACAAATGGAACAAGATTACATATTAATTAATTTAGATCATATTTCAAAACGCTGAT	945	
Db	3699	TTTACAA---GGAAGAAGTTAAACTATGATTTTACATTTGTCAACATTAAGAACGCCGAT	3755	
Qy	946	CGACGTGTACATGATTTCCCTATGATATCCATTAATGTTTACCGAAATGCTCCAGTATG	1005	
Db	3756	GATTTGTGACAGTGTATTCATATGTACCAATGATGTGTATCCGATTTTCCAGGACATG	3815	
Qy	1006	AACATATGATGTATATCAAGATTAAACGACGATATCATCAAGATTAATTTATATGAT	1065	
Db	3816	AACATATGATATATACCAAGATTAAACGCGGATATCATCAAGATTAATTTATATGAT	3875	

Qy	1066	GCACGAATATCATACAAATGTGTGATCTTTACAGAGATTACAGGATGCGACGACACA	1125	
Db	3876	GCACGAATATCATACAAATGTGGGATTTTGACAGAGATTACAGAGGATGCGATCGGA	3935	
Qy	1126	GGAAATGCGCGGCTCAACAAATGATGAGCTTCAGTATTAGTTCTATCAAAATGGAGC	1185	
Db	3936	GGAAATGATGAAGTACACCAATGGAACGTGTGATTTAGTCTTATCCAAATTTGGAGC	3995	
Qy	1186	GCGGGGATATCTCAAACTTGATGCTCAAGATCATCATGATATGTTTACGTTGAT	1245	
Db	3996	TCTGAGATATCTCAAACTTGATGCTCAAGATCATCATGATATGTTTACGTTGAT	4055	
Qy	1246	GCCAAAAAGAGACCTGGAAGAGGATGTGAACGATGATGATTTGTTAAATGGAACAG	1305	
Db	4056	GCGAAAAAGAGAGGCTGGAAGAGGCTATGTGAACGAGATGATGTTAAATGTTAAAG	4115	
Qy	1306	GAACACTTAATGATCTTCTTTCGGAAGAGATATATGACAAAAACAGTAGAGTATTC	1365	
Db	4116	GAACACTTAATGATCTTCTTTCGGAAGAGATATATGACAAAAACAGTAGAGTATTC	4175	
Qy	1366	CCGAAAGTATCGTGTACGGAATTTAAATGAGAAACCGAAGGTACATTTATATGAT	1425	
Db	4176	CCGAAAGTATCGTGTACGGAATTTAAATGAGAAACCGAAGGTACATTTATATGAA	4235	
Qy	1426	AGCATCGAGTCTTGTGTATGCAAGATATGATATCAATTAATTAACCTGCAACGGGTAT	1485	
Db	4236	AGCATCGAATGATTTGTATGAACGATATTAATCAATTAATTAACCAATTAATGATAT	4295	
Qy	1486	ATGTATGACCAAGTTATATGAAATTAATCAAAATTAATCTAGGAGTGTATTAACCA	1545	
Db	4296	ATGTATGATCAAGTTATATGAGGATTTATGATCTGAATTAATCTAGGAGTGTATTAAC	4355	
Qy	1546	GG 1547		
Db	4356	GG 4357		
RESULT 9				
AB185105				
LOCUS				
DEFINITION				
Bacillus thuringiensis cry24-like, orf241 genes for				
delta-endotoxin, hypothetical protein, complete cds.				
ACCESSION				
AB185105				
VERSION				
AB185105.1 GI:50539654				
KEYWORDS				
SOURCE				
ORGANISM				
Bacillus thuringiensis				
Bacteria; Firmicutes; Bacillales; Bacillaceae; Bacillus; Bacillus				
cereus group.				
REFERENCE				
1				
Ohgushi, A., Saitoh, H., Wasano, N. and Ohba, M.				
Cloning and characterization of novel cry genes from a				
mosquitocidal Bacillus thuringiensis serovar botto strain				
JOURNAL				
Unpublished				
2 (bases 1 to 3668)				
Ohgushi, A., Saitoh, H., Wasano, N. and Ohba, M.				
Direct Submission				
Submitted (16-JUN-2004) Akira Ohgushi, Kyuehu University, Graduate				
School of Agriculture; 6-10-1, Hakozaeki, Higashi-Ku, Fukuoka,				
Fukuoka 812-8581, Japan (E-mail: ohgushi@ds.kyuehu-u.ac.jp,				
Tel:81-92-642-3028, Fax:81-92-642-3028)				
FEATURES				
source				
1..3668				
/organism="Bacillus thuringiensis"				
/mol_type="genomic DNA"				
/strain="96-OK-85-24"				
/serovar="botto"				
/db_xref="taxon:1428"				
1..2028				
/gene="cry24-like"				
1..2028				
/gene="cry24-like"				

```
/codon_start=1
/cran1_table=11
/product="delta-endotoxin"
/protein_id="BAD32657.1"
/db_xref="GI:50539655"
/cran1_table="MNPNYONKKESEVFEHSHNNOKDIENRYPTFNPNVAMKNGNYKD
MNNEEGSNVSPSPAPAAVTSIAISIVLTAKLAVSLVDIAIKSLISSEVTKNNVS
LSMELVNOILNRIQETIMDLGASLNGLSIKRYRYLALBAMDKDSTLTIOENVI
EERKVESRFPENLKIYRTSSSQITLPTPAQANLHLSLRDVAWYQEBNULSHL
DYKNELDIALKDYNYCVEYVNRGLALRGSTALDMLBFSFRDMTLMVLDVAIFP
NYDPVYPLPKTIGLSRKITYDPVGTDTDFGWWTLDRTLANFNLEDERVDVPSL
VKMLVDNMIYGAIDSYPISGPGERIGVWYGNMNSFVLTSRSLSYMYGEIADHP
ITNIRNDNIYKDLAAVATVIRNALDSTFGVSSHPFVWNGKELYOSKQPYSPYPI
TITPGEESLEGVNDVSHLCONYKITIGLRQTSABRGRSLSHAMTHKSLNPNII
AADKITHPAVKGSNLSASSAVIKGPGTGGDLRLGNQPDYITLITDNPQVSGIYF
DVLRLACMGGANILIOFMWKNKMEIGVQLVSTSLLENLKTENFAYITTRISLFTFGG
GYNSIYNTPSNPVIIDKIEFIPVSGHPFEYEGRKLKNTQADVNNLFLN"
2055..3668
/gene="orf281"
2055..3668
/gene="orf281"
/codon_start=11
/cran1_table=11
/product="hypothetical protein"
/protein_id="BAD32658.1"
/db_xref="GI:50539656"
/cran1_table="WFTSGKMKLETTDYBIDMANYVKNMSDEYOSKEMQMD
IKYAKQLSQRNLQNDPFDLFGMTTSSNOMSIQADNATRGKNTLHNSGADIDYITL
PPIYQKIDSKLPYTRYLVRFVSGSKOLELVMMYKEDIVMMVPPNDIPVPS
MPVCELVDGEOQPYPNGNVGYNPMVPTSSYTSDAQCQMGKGVCHDSHPKFI
IDTGEVDNTNIGIWLFKRISPDGATLDNLEVEEGPGEALTHYKOKKMNQO
MEKRMETKOAVDRAKQAVDALFTGESELANVETLSHINADLDVOSIPIYVNEHMLRDY
PGMYDIIQELNARIMQASLYIDARNVITNENRAGLOGMHABEVEYEQIANGTVLV
LSNNSSGISQNLHVQHOGHGLIRVSAKESGKGIVTLMGCKKEXTELTPFSQDGIY
TKTVEVPEPESDRVRIEIGETGSPYIESIEILICMNGYTSNNNNMNYDOGYINNVN
QNYNTVEQHAVCTCNQNYNNGGCTCKQG"
```

## ORIGIN

```
Query Match 52.9%; Score 891.4; DB 1; Length 3668;
Beet Local Similarity 74.2%; Pred. No. 4.3e-152;
Matches 1187; Conservative 0; Mismatches 391; Indels 21; Gaps 4;

QY 1 GTGAGTCTATGTTACAAAGTAGTACGAAAAATACGTTAAAAATGAAACGACAGATTAT 60
Db 2046 GTGATCTTATGTTTACAAAGTGTGGAAAAACATGTTGAACTGAAAAACACAGATTAT 2105
QY 61 GAAATAGTCAAGCGCCATTCTATAGATGTATGTCAAGTAACAAAATCTCTAGAA 120
Db 2106 GAAATAGTAAATAAGCAAACTATGTAAATAATGTCAAGTAACTATTCACAGAA 2165
QY 121 AAAATATGTTATGGATGAAATAAACTGGCAAAACAACTTAGTCACTCTCTATATCTA 180
Db 2166 AAAATAGCAATGAAATGACATAAATAATGCAAAACAAATGACAAACAGTAAATTA 2225
QY 181 CTCCAAAATGAGACTT-----TTCGGAATGATTTGGAACATCGGTAAATGATTTATTC 234
Db 2226 CTTCAAAATGATGATTTGAGGATTTATTTAGTGATGATGACCTACAAAGTAAATGATGCC 2285
QY 235 ATAGAGATCAATTAATCTTATTTTAAAGAAAAATTTCTACAGATGCGTGAGACAGAGAC 294
Db 2286 ATTCAGGAGATTAATGCAACTTTTAAAGGAATATCTGCAATATGCTGGGGCTGAGAC 2345
QY 295 ATATATGGAACCTTATTTCCAACTATATCTGTCAAAAAATAGATGATCTTAATTTAAA 354
Db 2346 ATATATGGAACGATTAATCCCAACGTAATATATACAAAAAATGATGAAATCCAAATTTAAA 2405
QY 355 CCATATACAGCTTATCGAGTAAGAGGGTTGTGGGAGATGAATGAATTTGAATTTAATNG 414
Db 2406 CCGATATGCGGTTATCTTAGTCAGGGGATTTGTGGGAAGTACAAAGATCTAGAAATTAAG 2465
QY 415 GTAACACGTTACGGGAAAGAAATGATGCTATCATGAATGTTCCAAATGATTTGCCCTAT 474
Db 2466 GTAATGATTAATGGAAGAAATTAATGATACAGTGAATGATGATCTTAATGATTTCCCTAT 2525
```

```
QY 475 ATGACAGCTTAATCCTTCATGT-----GGAATTAATGCGTGTGAATCATGCGTCAAGTAT 528
Db 2526 GTACCTTATGACCGGTCTGTGAAGAAATTAATATGATGTGAACAACAACCGTATTCAAAT 2585
QY 529 GTGAGCCCAAGGTT-----ATCTTACACCAACAGATGATATGCTCCGATATGATGCA 582
Db 2586 GGAATGTAGGATTAATTAATTCCAATGCAAGTTTCTAGCTTCTTACATCTGATGCT 2645
QY 583 TGCCCGCAAAATATATAGATAGAAAGCATGTGAAGTGCATCGTCATCCATTTGATTTT 642
Db 2646 TGTCAGTGTATGCCAGGCAAAAAACATGCGTATGTCATGATTTCTCATCAATTCAGATT 2705
QY 643 CATATTTGACACCGGAGAAAGTATACAAATACAAATGAGGATTAATGCTTATTTAAA 702
Db 2706 CACATGTATACAGGGAAGTATGATTAACAATCAAAATCTAGAAATTTGGGTGTGTTAAG 2765
QY 703 ATTTCTAATCCAGATGTGATACGCTTACAGTAGGAATCTAGAATCATTTGAAGAAGACCA 762
Db 2766 ATTTCTTCCCAAGATGCTTACGCAACATTAATTAATTAAGATTAATTGAAGAGGCTCA 2825
QY 763 CTAACAGGTGAAGCATTTGGCACATGTGAAACAAAAGAAAAGAAATGGAACAACATG 822
Db 2826 GTAAAGGCGAAGCATTTGACACATGTGAACAAAAGAAAAGAAATGGAATCAGCAATG 2885
QY 823 GAGAAAAAAGCTTTGGGAAACACAAAGCCCTATGATCAGAAAACAGCGCTGTAGTGA 882
Db 2886 GAGAAAAAACAATGAAACAAACCAAGCTTATACAGAGAAAACAGCGGTGAATGA 2945
QY 883 TTATTTACAAATGAAACAAAGATTACATATCATATTACTTTAGATCATATTCAAAAGCT 942
Db 2946 TTATTTACA---GGAAGAAAGTTAACTATATATGTTACATTTGCTCACATTAAGAAGCC 3002
QY 943 GATGACGTTGTAAGTGTGATTTCCCTATGTATACATATTTGTTACCGAATGCTCAGGT 1002
Db 3003 GATATTTGGTATCAATGATGATCCATATGTAACAATGATGCGTACAGGAGTTCCAGGC 3062
QY 1003 ATGAATCTATGATGTATATCAAGATTAACAGCAGTATCAAGAGTTAATTTAT 1062
Db 3063 ATGAATCTATGATGTATATCAAGAGTTAACAGCGGTATCAAGCAAGCTTATTTATC 3122
QY 1063 GATGACCAAAATGTCTATTAACAATATGTGATCTTACACAGAGATTACAGGATGACGCA 1122
Db 3123 GATGACCAAAATGTCTATTAACAATATGTATTTCCACAAGATTAACAAGGTTGACATGCG 3182
QY 1123 ACAGAAATCCGCGGTACAAACAATGATGAGACTTCAGTATTAAGTTATCAAAATGG 1182
Db 3183 GAAGAAAAGTAAAGTAAACAGCAATGAAATGGAACGACTGTATTAAGTTCAAAATGG 3242
QY 1183 AGCGCGGGGTATCTCAAAACTTGCAATGCTCAAGATCATCATGATATGTTACGTG 1242
Db 3243 AGCTCTGGGATATCTCAAAACTTTCATATGCTCAACATCAACATGGAATATCTGTACGTG 3302
QY 1243 ATTGCCAAAAAAGAAAGACCTGAAAAAGGATATTAACATGATGATTTGTAATGAAAG 1302
Db 3303 AGTGCAGAAAAAAGAGGGGTCTGAAAAAGCTATATTAACGTTGATGGGGGTGTAAGAAAG 3362
QY 1303 CAGAAAAACCTTAAGTTCACTTTTGGAGAGAAAGATATATGACAAAACATGAGGTA 1362
Db 3363 AAGGAAACACTTAAGTTTACGTTACGCTCTGTGACGCGTGAATATATTAACAAAACAGTGAAGGTA 3422
QY 1363 TTCCCAAAAAGTATCGGTATCGGATTTGAAATAGGAAAAACCGAAGGTACATTTATATA 1422
Db 3423 TTCCCAAAAAGCAATCGGTATCGGATTTGAAATTTGGGAGACCGAAGGTTGATTTATAT 3482
QY 1423 GATAGCATGAGTGTGTTGTAATGCAAGATATATTAACAATTAATTAACCTGACACAGGGT 1482
Db 3483 GAAAGCATGGAATTTGTTGATATGACGATATATCTAGCAATTAATTAACGAAATATGAGT 3542
QY 1483 AATATGATAGCAAAAGTTAATGAAATTAATCAAAATTAATTAACGATGATGATTAAC 1542
Db 3543 AATATGATATGATCAAGATATATTAACAATTAATTAACAAATTAATTAACGATTAATGA 3602
```



Oy	1003	ATGAACATATGATATGATATACAAAGATTAAACGCATCATATCGCAAGCTTAATATATAT	1062
Db	3190	ATGAACATATGATATATATACCAAGAGTTAAACCGCGCTATACATGCAAGCAATATTTATAC	3249
Oy	1063	GATGACAGAAATGTCATATACAAATGTCATCTTATACAAAGATTAACAGATGGCAGCA	11222
Db	3250	GATGACAGAAATGTCATATACAAATGTCATTTCCGACAAAGATTTACAAAGGTGGCATATCG	33099
Oy	1123	ACAGAAAATGCCGCGTACACAAATGATGGAGCTTCAGTATTAAGTTCTATCAAAATTGG	11822
Db	3310	GAAGAAAAAGTAGAAGTACAGCAATTTGAATGGAAACGACTGATATTAGTCTTATCCAAATTGG	33699
Oy	1183	AGCGGGGGGGTATCTCAAAACCTTGATGCTCAAGATCATCATGATATATGTTACGTGTG	12422
Db	3370	AGCTCTGGGAATATCTCAAAACCTTCATGTCCAACTCAACATGATATCTGTATACGTGTG	34299
Oy	1243	ATTGCGCAAAAAGAAAGACCTGGAAAAGGGATATGTATACATGATGATGATTTGTATAGAAAG	13022
Db	3430	AGTGGCAAAAAGAGGGGTCTGGAAAAGGCTATGTACGTTGATGGGTGTATATGGAAAG	34899
Oy	1303	CAGAAAACCTTAAGTTACCTTCTTTGCGAAGAAAGATATATGACAAAAACATAGAGGTA	13622
Db	3490	AAGAAAACCTTACGTTACGTTACGTCCTGTGACGATGGAATATATACAAAAACATAGAGGTA	35499
Oy	1363	TTCCAGAAAGTATCGTATACGATATGAAATATAGAAACCGAAAGCTACATTTTATATTA	14222
Db	3550	TTCCAGAAAGACGATCGTATGCAATTTGAAATTTGGGAGACCGAAAGGTTCAATTTATGTA	36099
Oy	1423	GATAGCATCGAGTTGCTTTGTATGACAAAGATA	1454
Db	3610	GAAAGCATCGAATTAATCTTTGGCGGAAAGGATA	3641
RESULT 11			
BTPTOXIS			
LOCUS	127923	bp	DNA
DEFINITION	Bacillus thuringiensis subsp. israelensis	linear	BCT 16-APR-2005
ACCESSION	AL731825		
VERSION	AL731825.1	GI:21685410	
KEYWORDS			
SOURCE			
ORGANISM			
REFERENCE			
AUTHORS			
TITLE			
JOURNAL			
PIRMBD			
REFERENCE			
AUTHORS			
TITLE			
JOURNAL			
COMMENT			
FEATURES			
SOURCE			
CDs			

/note="Similar in part to Bacillus anthracis pXO1-49  
TR:09XJ19 (EMBL:AF065404) (227 aa) fasta scores: E():  
8.9e-44, 78.4e% id in 158 aa"  
/codon\_start=1  
/transl\_table=11  
/protein\_id="CAD30064.1"  
/db\_xref="GI:21685411"  
/db\_xref="UniProt/TREMBL:Q8KRX5"  
/translation="MSHTLNFSQNFKVHGKPEFDGLFNITKENRKELPSALATY  
IMLHEGIDIMLPREFQIMDLAKSGIPATTITYGQVCLEKRLVEIIVGRATYE  
IVDALYNHTAASTMDMINISLSEYIPFLIOITLSLVKARDNNGINLELTNT  
ESRKGTHWAGVKRIEDFEIRTKMAFLKEKNRNKKRYOEILVYIKPAIVLDKKK  
SSSRITVRKQVOOVITIEKPNTVFSSNCITENDKELHPIAKCKEAVSLKMGQ  
ALKRKDKNNITAROEIVDIEIYLPTKOKON"  
2246..3106  
/note="IS240"  
complement(12246..2262)  
/rpt\_type=INVERTED  
2337..3044  
/gene="PBT003"  
2337..3044  
/gene="PBT003"  
/note="Similar to Bacillus thuringiensis insertion element  
IS240-a protein TR:Q45766 (EMBL:M23740) (235 aa) fasta  
scores: E(): 2.2e-92, 99.57% id in 235 aa, and to  
Mycobacterium fortuitum, transposase tmp tmpe100 TR:Q49185  
(EMBL:X53635) (254 aa) fasta scores: E(): 1.4e-37, 48.05%  
id in 231 aa"  
/codon\_start=1  
/transl\_table=11  
/product="insertion element IS240 protein"  
/protein\_id="CAD30065.1"  
/db\_xref="GI:21685412"  
/db\_xref="GOA:Q8KMX4"  
/db\_xref="InterPro:IPR001584"  
/db\_xref="UniProt/TREMBL:Q8KRX4"  
/translation="MEKENIFKMCHYOADNITLMTWRMYLYNNLSFRDLVMEMERGSL  
LSHTTGMWVQYQPELNERLRKLKRKTINDSWRVDETYIKIKENNYLYRAVSSEGQT  
LDIFYSKRDGKAACFLCKKALASFHTKRRVIVDGNKAYPAVAIRELKNEKSIPYQM  
PLRVKYNNIIBODHFIKKRIINLMGLKSMQVAVMAGIEAMHWVKGGQLRLAQ  
SAQNQRNIHQLFGLTA"  
2538..2933  
/gene="PBT003"  
/note="MMMFam hit to PF00665, integrase core domain"  
3090..3106  
/rpt\_type=INVERTED  
3521..4381  
/note="IS240"  
complement(3521..3535)  
/rpt\_type=INVERTED  
3612..4319  
/gene="PBT004"  
3612..4319  
/gene="PBT004"  
/note="Similar to Bacillus thuringiensis insertion element  
IS240-a protein TR:Q45766 (EMBL:M23740) (235 aa) fasta  
scores: E(): 3.5e-91, 99.14% id in 235 aa, and to  
Mycobacterium fortuitum, transposase tnpA or tmpe100  
TR:Q49185 (EMBL:X53635) (254 aa) fasta scores: E():  
1.1e-37, 48.05% id in 231 aa"  
/codon\_start=1  
/transl\_table=11  
/product="insertion element IS240 protein"  
/protein\_id="CAD30066.1"  
/db\_xref="GI:21685413"  
/db\_xref="GOA:Q8KH55"  
/db\_xref="UniProt/TREMBL:Q8KH55"  
/db\_xref="InterPro:IPR001584"  
/translation="MEKENIFKMCHYOADNITLMTWRMYLYNNLSFRDLVMEMERGSL  
LSHTTGMWVQYQPELNERLRKLKRKTINDSWRVDETYIKIKENNYLYRAVSSEGQT  
LDIFYSKRDGKAACFLCKKALASFHTKRRVIVDGNKAYPAVAIRELKNEKSIPYQM  
PLRVKYNNIIBODHFIKKRIINLMGLKSMQVAVMAGIEAMHWVKGGQLRLAQ  
SAQNQRNIHQLFGLTA"

misc\_feature 3813..4208  
/gene="pBc004"  
/note="HMPfam hit to PF00665, Integrase core domain"  
repeat\_unit 4365..4381  
/rpt\_type=INVERTED  
gene complement(4634..5275)  
/gene="pBc005"  
CDS complement(4634..5275)  
/gene="pBc005"  
/note="Similar to N-terminus of Bacillus anthracis pxa0-18 TR:Q9X2Y9 (EMBL:AF065404) (315 aa) fasta scores: E(): 4.2e-56, 84.15% id in 183 aa, and to Bacillus halodurans Bb2364 protein TR:Q9KAC5 (EMBL:AP001515) (378 aa) fasta scores: E(): 1.6e-18, 35.45% id in 189 aa, and weakly to Lactobacillus delbrueckii integrase/recombinase orf2 TR:Q48538 (EMBL:Z50864) (333 aa) fasta scores: E(): 6.3, 28.88% id in 90 aa, and to Bacillus thuringiensis resoi vase rndi SW:TNRI BACTU (P10020) (284 aa) fasta scores: E(): 8.5, 23.88% id in 180 aa"  
/codon\_start=1  
/transl\_table=1  
/product="Integrase/recombinase family protein"  
protein\_id="CAD30067.1"  
/db\_xref="GI:21685414"  
/db\_xref="COA:Q8KXK3"  
/db\_xref="InterPro:IPR004107"  
/db\_xref="UniProt/TREMBL:Q8KXK3"  
/translation="MSKNINLEETLAAPFAYLIEGRKQSTIKRYAYDIKDPYKWLRA NKSLIHKMSSELSEADYQYFSELEDKRYQGRHRIYVYLKLLHMFCLVSPLDG INLSLIPDQSLNDNDFITEMEKLKQTVLSTKGLTERARXKRPILMDNVCILNLYV NYGSLQELVLSMNSHINPARIWICVKKIDPLNDILFVKQLEIYAFHRTSF"  
misc\_feature complement(4985..5251)  
/gene="pBc005"  
/note="HMPfam hit to PF02899, Phage integrase, N-terminal SAM-like domain"  
RBS complement(5283..5286)  
gene complement(5364..5507)  
/gene="pBc006"  
CDS complement(5364..5507)  
/gene="pBc006"  
/note="Similar to Bacillus anthracis pxa0-17 TR:Q9X2Y8 (EMBL:AF065404) (47 aa) fasta scores: E(): 2.1e-12, 68.08% id in 47 aa"  
/codon\_start=1  
/transl\_table=1  
/product="putative integral membrane protein"  
protein\_id="CAD30068.1"  
/db\_xref="GI:21685415"  
/db\_xref="UniProt/TREMBL:Q8KXK2"  
/translation="MAVLKDSNYIEKNTYNEIGFPKGI FVWGLIFVVPFWSIMIAITPIW LCK"  
misc\_feature complement(5370..5435)  
/gene="pBc006"  
/note="1 probable transmembrane helix predicted for pBc006 by TMHMM2.0"  
RBS complement(5515..5519)  
gene complement(6451..8160)  
/gene="pBc007"  
CDS complement(6451..8160)  
/gene="pBc007"  
/note="Similar to Bacillus anthracis pxa0-16 TR:Q9X2Y7 (EMBL:AF065404) (569 aa) fasta scores: E(): 0, 96.13% id in 569 aa, and to Bacillus thuringiensis pxa0 orf16-1like protein TR:CA050562 (EMBL:AJ296638) (310 aa) fasta scores: E(): 6.5e-122, 99.67% id in 310 aa"  
/codon\_start=1  
/transl\_table=1  
/product="conserved hypothetical protein"  
protein\_id="CAD30069.1"  
/db\_xref="GI:21685416"  
/db\_xref="UniProt/TREMBL:Q8KXK1"  
/translation="MGKSFIIIONRSILKTNNAVVTLLKSMOKFPAPEEKYYSYKD TYLEDILQMTYBERIADYEGVEKAKPSFSRAASTLAETGRGKHLGYITNADLEV

FLYLHKRCFTNGVTPNVTIHHMVEDYKQKEEPAYIOHSOFIALKXILNIIISIE  
GLDGRYTTIKLTHFPMNEETKXNPYIISPVFTKQFPLSLIAKKLPLDIDMOQHTET  
TLKRLSDKODERGNTHFGMIRFLHKRYPHOIRIVIELTALPCTNPFLKICMWO  
KGVRHKRYVTLNLYSLISHDPLCSKEAGEOHDPPTPATYARKAKFTEAVIQENIG  
ELSDANKFPIHLKYTCRQIRSVIRGLDMDVDRKEGPTKIVYTKLKLHQTSGYQI  
LDLTAKEGIYPLAIOHIPKENSDEQAVFNGLGHSYMSLHNIKMFERNVALLKOK  
FAVPTESSYRVNYLKOEFTLFRKYALDOGVNLHAYIALETEMEKIKVGHKERTI  
PSDVAEMFIEAIDKLPQEKXVIELPKPNLIEFRTBERLVRAGVTTIAPQVLHAM  
EIK"  
RBS complement(8168..8173)  
RBS 8947..8951  
gene 8959..10653  
/gene="pBc009"  
CDS 8959..10653  
/gene="pBc009"  
/note="Similar to Bacillus anthracis pxa0-14 TR:Q9X2Y5 (EMBL:AF065404) (564 aa) fasta scores: E(): 1.6e-191,  
Query Match 47.0%; Score 792.4; DB 1; Length 127923;  
Best Local Similarity 72.3%; Pred.No.14e-134;  
Matches 1094; Conservative 0; Mismatches 396; Indels 24; Gaps 4;  
1 GTGAGTCCTATGTTTACAGTAGTACGAAATAACGTTAAATAATAGAAACGACAGATTAT 60  
|||||  
41146 GTGAACCGTATGTTTACAGTAGTGCAGAAATAATAGCTTAAGCTGAACGACAGATTAT 41205  
|||||  
61 GAAATAGATCAACGGCCATTTCATATGATGTATGTCAGATGAACAAATCTCTACGAA 120  
|||||  
41206 GAAATAGATCAAGTGGCTATATCTATAGATGTATGTCAGATGAACAAATATCAAAAGNA 41265  
|||||  
121 AAAATAGATTATGGATGAAATAAATCTGCGAAACAACTTAGTCAGTCTGCTATATCA 180  
|||||  
41266 AAACGATGTTATGGATCAAGTCAAGTAAACATGCAAAATCTTAGTCAGTCTGAAATTTG 41325  
|||||  
181 CTCCAAAATGAGACCTTTCTG-----GGAATGATGGACATCTGGTATGATATTATTC 234  
|||||  
41326 CTTCAAAATGATGATTTTGAAGATGATATTTCATGTAGTGCATCAAGTATCATATGTATC 41385  
|||||  
235 ATAGATTCATATATCTATTTTAAAGGAAATTTTCAAGATCGTGGACACGAGAC 294  
|||||  
41386 ATTCAGTCGATATATCTATCTTTTAAAGGAAATTTATGCAATATATCTGGGCGGAGAC 41445  
|||||  
295 ATATATGACATCTATTTCCAACTATATCTGTCAAAAATATGAGAGCTTAATTTAAA 354  
|||||  
41446 ATATATCTTAACGATATTTCCAACTATATCAATTTCAAAAATATGAGATCAAAATTTAAA 41505  
|||||  
355 CCATATACACGTTATCGAGTAAAGAGGTTTGGGAAAGTAAAGATTTGAAATTTAATG 414  
|||||  
41506 CCGTATACACGTTACTATCTATTAAGGAGATTGTAGGAAGTAAAGATGTATAACTATG 41565  
|||||  
415 GTPACACGTTACGGGAAAGAAATTTAGTCTATCATGAATGTTCCAAATGATTTGGCCTAT 474  
|||||  
41566 GTTTCACGCTATGAGAAAGAAATATGATACATGATGAATGATACCAATTTGATATCCGCTAT 41625  
|||||  
475 ATGACAGCTTAATCTTCAATG-----GGAATTTATCGTGTGATCATACGCTCATGAT 528  
|||||  
41626 GTATCTTATAGGCGCTGTTGTATGATATATATGATGGAGCAACACACGATCCCAAT 41685  
|||||  
529 GTGAGCAAGGATCTCTACACCAACAGATGATATGCTC-----CGATATGATGCA 582  
|||||  
41686 GGGAAATGATGATATTAATATCAATATGTCAGCTTTTACGCCCTTTTACACATCTGATGCT 41745  
|||||  
583 TGCCCGCAAAATATATGATGAAAGAGTGAAGTCAAGATCGTATCATCTATTTGATTT 642  
|||||  
41746 CGTCAGTATATCCAGGGAAGAAACAGATATGCTGTCAAGATTCATCAGTTTAAGTTC 41805  
|||||  
643 CATATTTGACACCGGAGATGATATCAAAATCAAAATGATGATGATGATCTTATTTAAA 702  
|||||  
41806 CATATTTGATACAGGAGATGATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 41865  
|||||  
703 ATTTTCAATCCAGATGATATACGCTACAGTAGGAATCTAGAAGTCAATTTGAAGAGACCA 762  
|||||  
41866 ATATCTTCCCGATGATGATACGCTATTTAGTAAATTTTAAAGTAAATTTGAAGAGGCCA 41925  
|||||



```

Db      2774 CCGTATACAGTTACCTAGTAAGGGATTGTAGGAAGTAAAGATGTAAGTAAGTAACTAGTG 2833
Qy      415 GTAAACGTTACGGGAGAGAAATGATGCTATCATGATGTTCCAAATGATTTGGCTAT 474
Db      2834 GTTTACCGCTATGGGGAGAGAAATGATGCTATCATGATGTTCCAAATGATTTAAAGTAT 2893
Qy      475 ATGCAcGCTTAATCCTTCATGTGAGAGATTATCCGCTGTGAATCATCGCTCAGTATGTGAGC 534
Db      2894 CTGTATCCTTCATCCTTTGAT-----TGTGAAGGGTCTTAATGTTGTGTGAGAG 2941
Qy      535 CAAGGATATCTTACACCAACAGATGGATATGCTCCCGATATGATGATGATGCCCGGAAAT 594
Db      2942 TCCGCTGTGCGGCTTACATTTGGAACTTTCTGATATGTTGATTTCAATGCAAAATGAT 3001
Qy      595 ATAGATAGAAAGCATGTGAAAGTGTCCAGATCGTATCCATTTGATTTGATTTGATTTGACACC 654
Db      3002 ACAGGGAGAAACATGTGCTATGTGAGATTCCTCATTTAGTTTCACTATGTATGATACA 3061
Qy      655 GGAGAAATGATACAAATACAAATGATGATTTGATGTTCTTATTTAAAAATTTCTATTCGA 714
Db      3062 GGGGCAATTGATATCAAAATGATAATATAGGGGTTGGGCTATGTTTAAAAATCTTCTCCA 3121
Qy      715 GATGATAGCTATCAGTATAGGAACTTGAAGTCAATTTGAAGAGACCACTAATACAGGTGA 774
Db      3122 GATGATAGCTATCAGTATAGTATTTAGAGTATTTGAAGAGAGCCAAATAGATGGGGA 3181
Qy      775 GCATTGGCAGATGTGAAACAAAAGAAAGAAATGGAACAAACATGAGAGAAAAACGT 834
Db      3182 GCACGTCTCCGCTGAAACACATGAGAGAAAGAAATGGAACGATCAATGAGAGAAAAACGT 3241
Qy      835 TGGGAAACCAACCAAGCCTTATGATCCAGCAAAACAGCGTGTAGATCATTTATTACAAT 894
Db      3242 TCGGAAACCAACCAAGCATATGATGTAGCGAAACCAAGCATGATCTTTATTACAAAT 3301
Qy      895 GAAACAAGAG-----TTACATATCATATTACTTTAGATCATTTTAAACGCTGATCA 948
Db      3302 GTACCAAGATGAGGCTTTACAGTTGATGAGACCTGCTCAATTTAGTACGTGATAT 3361
Qy      949 CTGGTACAGTCCATTTCCCTATGATATACATAATTTGGTTACCGAATGCTCAGGTATGAAC 1008
Db      3362 TTGGTACATCATGATTCATATGTGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3421
Qy      1009 TATGATGATATCAAGATTTAAACGACGATATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1068
Db      3422 TATGATGATCTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3481
Qy      1069 CGAAATGTCTATACAAATGTGATCTTACCAAGATTTACAGGATGAGCAACGAAACAGA 1128
Db      3482 AGAAATATTTATTAATAATGATGATTTTATACCAAGGGGATAGGGGTGCAATGATGGA 3541
Qy      1129 AATGCCGCGGTCAACAATGATGATGAGCTTCAGTATGATTTCTATCAATTTGAGACGGC 1188
Db      3542 AATGCAGACGTACACAAATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3601
Qy      1189 GGGGATATCTCAAACTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1248
Db      3602 GGGGATATCTCAAACTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3661
Qy      1249 AAAAAAGAGAGCTTGGAGAAAGGATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1308
Db      3662 AAAAAAGAGAGCTTGGAGAAAGGATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3721
Qy      1309 ACACTTAAGTCTACTTCTTGCAGAGAGATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1368
Db      3722 AAATTGACGTTTACGTTCTTGTGAGAGAGATATATTTACAGAGACATGATGATGATGATGAT 3781
Qy      1369 GAAAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1428
Db      3782 GATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3841
Qy      1429 ATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1488
Db      3842 ATTGAATTAATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3901

```

```

Qy      1489 TATGACCAAGTATTAATGAGAAATTAATATCAAAATFACAGCATGTGATATTCACAGCG 1548
Db      3902 GGAGAAAGTTTCTTCACATGATGATTTAAATTTGATGATTAATTTCTGATACAAAAATA 3961
Qy      1549 TATACCAACATTAATACCAAGACTAG-----TAATATGATATATCAAAATATATACT 1602
Db      3962 TATAGAAAAATTAATAATATGATATCTAGAGACATTAATAATTTATACAAATATCAATTTTC 4021
Qy      1603 AACATGATGACCTTCATTCGGTGTGACATGTAAACCAAGGACATPACTTGGCTGTACA 1662
Db      4022 ATTAGTATAGAACGTTTATTCGAATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 4081
Qy      1663 TGTAAATCAAGATATPACCGTTAA 1686
Db      4082 TGTGATCCAGATTATGATGATTTAA 4105

RESULT 13
E01905
LOCUS      E01905              4186 bp    DNA             linear    PAT 29-SEP-1997
DEFINITION genomic DNA encoding insecticide protein of Bacillus thuringiensis.
ACCESSION E01905
VERSION   E01905.1 GI:2170154
KEYWORDS  JP 1989080294-A/1.
SOURCE    Bacillus thuringiensis
ORGANISM  Bacillus thuringiensis
           Bacteria; Firmicutes; Bacillales; Bacillaceae; Bacillus; Bacillus
           cereus group.
REFERENCE  1 (bases 1 to 4186)
AUTHORS   Komano,T. and Himeno,M.
TITLE     BT INSECTICIDAL PROTEIN GENE
JOURNAL   Patent: JP 1989080294-A 1 27-MAR-1989;
           SUMITOMO CHEM CO LTD, MARUBENI CORP
COMMENT   OS Bacillus thuringiensis
           PN JP 1989080294-A/1
           PD 27-MAR-1989
           PE 21-SEP-1987 JP 198728394
           PI KOMANO TORU, HIMENO MICHIO
           PC C12N15/00,A01N63/00,C07K13/00,C12N1/20,C12P21/02,(C12P21/02,
           C12R1:19);
           CC strandedness: Single;
           CC topology: Linear;
           CC hypothetical: No;
           CC anti-sense: No;
           CC *source: strain=Isulaeensis HD522;
           CC *source: clone=puCH3;
           FH key Location/Qualifiers
           FT 5'UTR <1..460
           FT CDS 461..3868
           FT /product='Insecticide protein of Bacillus thuringiensis'
           FT mat_peptide 461..3865
           FT /product='Insecticide protein of Bacillus thuringiensis'
           FT FT 3'UTR 3869..24186.
           FT Location/Qualifiers
FEATURES
source 1..4186
        /organism='Bacillus thuringiensis'
        /mol_type='genomic DNA'
        /db_xref='taxon:1428'
ORIGIN
Query Match 46.5%; Score 784.8; DB 6; Length 4186;
Best Local Similarity 68.2%; Pred. No. 9,5e-133;
Matches 1162; Conservative 0; Mismatches 512; Indels 30; Gaps 4;
Qy      1 GTGAGTCTATGTTTACAGTAGTACGAAAAATAGCTTAAAAATGAAACGACAGATTAT 60
Db      2414 GTGAGTCACTGTTTACAAATAGACGAAAGATGATTTAAACATTTGGAACGACAGATTAT 2473
Qy      61 GAAATGATCAAGCGGCATTTCTATAGATGATATGTCAGATGAAACAAATCCTCAGGAA 120

```



VSTALYAGAKGKRVNPRACUVTYUITSILPLAMPNTPRTPRANPDMPMTYKID  
 VTYAVARTDAKAKTYVADYIDYOTYKENTWKEBPNNOSYRPAVITOPNLSAKURET  
 AVYSNIVGELLPLPYKAVOANFNLLRIDELINAOENSLARSBGDYNWTVOTYKRE  
 EYKASTETWKEGADVIRANSQMOYTFNDYKRENTI QVLDIFALFASDYRIPADK  
 IDNKTREKTEETETIYALVYSSSGSIALBALATRDYATFTMLKADWENTYDNOY  
 LRFPSANKIGSYNSAGNSOMOSGYSOSGPNLTHOULONSNKYITSDTESNKR  
 VTRFPAKIDIGTLASVNSNTIPREBELATPFPGSPGNLNTPOPNVNYTHLSIYIT  
 DYNYSNRSPAMTKHIDYIDNOYTDALTOVPANSPYLANSTYKAGSHGNGD  
 VALTSNLSGRNEIOCKTISINDPRTSGLMIRKANSPYLANSVYAGVSGRTTY  
 STESYTERPNNTIPDLCREERYKOPFOALVPMRLSNQULTTALPPLANTSNNOYI  
 IDREILPIPTOSVADLEPNONLESSEBYNVALPITDAKALANGITVDYIDQANQY  
 CISESELPKEXMELDLBENKAKLOSOSRYALONGFESGTLCTMTSDNITIOEDDPIFE  
 KGHVLMNSGARDIDGTEPIYIIOKIDESKAPRYTLYVRGVSQKVELVARYSEGE  
 EIDLINWNPADINATYFEDGCSNCRCTASPAVINGTENTSMPLSYCOYDGGKGVX  
 ODSHQPSFTIDCALDLPNEIYWNWFKISDPGASDLNLEVEBESIDESALSRYK  
 IPEYKKNNDQESKAPDITQOANVDAKADIALFTVNOALQEDDTTLOAQIYAEVLYN  
 IPVYKKNNDQESKAPDITVELDVAQAARVLYDTRNINKGDTTLOAQIYAEVLYN  
 DVQOVIDEVSATVLSNAGSNOYLOHNGHGVLYRIAKESDPGATVLLDCEBNOE  
 DUTVTSCEBEGITVWDVFDTRVAYILEGTEGYSYIESPILLOMNE"

## ORIGIN

Query Match	46.5%;	Score 783.2;	DB 1;	Length 3684;
Best Local Similarity	72.2%;	Pred. No. 1.9e-132;		
Matches 1070;	Conservative 0;	Mismatches 388;	Indels 24;	Gaps 3

Qy	1	GTGAGTCTCATGTTTTCACAGTAGTACGAAAAATACGTTAAAAATATGAAACGACAGATTAT	60
Db	2107	GTGAATGACACTGGTTTACAAATAGACGCGAAAGATCATTTAAACATTGGACCAAGATTAT	2166
Qy	61	GAATATGATCAAGCGGCCCATTTCTATAGAAATGTATGTGCAGATGGAACAAATCTCCAGAA	120
Db	2167	GACCTATGATCAAGCGCGAAATCTTGTAATGTATTTCTGAAGATTATATATCCAAAAAGA	2226
Qy	121	AAAAATATGTTATGCGATGAAATTTAAACTGCGAAAACAATTAGTCAGTCTCGTAATCTA	180
Db	2227	AAATGTCTGTTATTAGATGAAATTTAAATCCGAAACAACCTTAGTCATCTCGAAATGTA	2286
Qy	181	CTCCAAATATGAGACTTT-----TTCGGGAATATTGACATTCCGTAATGATATTATC	234
Db	2287	CTTCAAAAACGGGGAATTTTGAATCGGCTACGCTTGCTGTGACACACAGTGAATATATCA	2346
Qy	235	ATAGGATCCAAATAATCTATTTTAAAAGAAAATTTCTACAGATGCGTGAGACGAGAC	294
Db	2347	ATTCAGAAGATGATCTTATTTTAAAAGGCATTACCTTCATATGTCTGGGCGAGAGAC	2406
Qy	295	ATATATGGAATCTATTTCCAACTTATCTGTCAAAAAAATAGATGACTTAAATTAAA	354
Db	2407	ATTGATGTACAGATATTTCCAGCTATATATTCAAAAAATGTATGAAATCAAAAATTAAA	2466
Qy	355	CCATATACACCTTATTCAGTAAAGAGGGTTGTGGAGAGTAGTAAAGATTGAAATTATG	414
Db	2467	CCGATATACAGTTACTAGTAAAGGGAGTTGTAGGAAGTAAATAAAGATGTAAACTAGT	2526
Qy	415	GTAAACAGTTACGGGAAAGAAATTGATCTTATCATGAATGTTCCAAATGATTTGGCTAT	474
Db	2527	GTTCACAGCTATGGGGAAGAAATTGATGCCATCATGATGTTCCAGCTGATTTAACTAT	2586
Qy	475	ATGCAGCTTATCTTCATGTGAGATATATGCGTGTGAATCATGCTCCAGTATGTGAGC	534
Db	2587	CTGATCTCTTAC-----CTTGATATGTGAAGGGTCTAATCTGTGTGAAGC	2634
Qy	535	CAAGGATATCTTACCAACAAGATGATATGCTCCGATATGATATGATGATGCGCGAAAT	594
Db	2635	TCCGCTGTGCGGGTAAACATTTGGGAACACTTCTGATGTGTATTCATGCAATATGAT	2694
Qy	595	ATTAGATGAAGAAGCATGTGAAGTGCACATGCTATCATTTGATTTTCAATTTAGACAC	654
Db	2695	ACAGGAAAAAGCATGTGCTATGTGCAGATTTCCATCAATTTAGTTTCACTATTTGATACA	2754
Qy	655	GGAGAGATGATATCAAAATACAAATGTATGATATGATCTTATTAAAAATTTCTAATCA	714
Db	2755	GGGCGCATATGATACAAATGAAAAATATAGGGGTTTGGGTCAGTTTAAAAATATCTTCTCA	2814

QY	715	GATGATATACGCTACAGTAGGAAATCTTGAAGTCACTTGAAGAAGACCACTAACGGTGA	774
Db	2815	GATGATATACGCTACATTAAGATTAATTGAAATTAATTGAAGAGGCCAATTAAGATGGGAAA	2874
QY	775	GCATTGGCACATGTGAACAAAAGAAAGAAATGTAACAAACATGAGAGAAAAAAGT	834
Db	2875	GCACTGTCAAGCGGTGAACACACATGGAAGAAATGGAACGATCAAATGGAAGCAAAAGCT	2934
QY	835	TGGGAAACACACAAAGCCTATGATCCAGAAAACAGGCTGTAGATTAATTTACAAAT	894
Db	2935	TGGAAACACAAAGCATATGATGTAGCGAAACAGCCATGTGATGCTTTATTCACAAAT	2994
QY	895	GAACAAAG-----GTTACACTATCATATTACTTTAATCATATTTCAAAACGCTGATCGA	948
Db	2995	GTACAAAGATGAGGCTTTACAGTTTGAATACACACTCCCTCAAAATTCAGTACGCTGAGAT	3054
QY	949	CTGGTATAGTCGATTCCTCTATGTATATACATAATTTGGTTACCGAATGCTCCAGGATGAC	1008
Db	3055	TTGGTATACATCGATTCATATGTGTACAAATGATTTGGTTGTCAGATGTTCCAGTATGAAT	3114
QY	1009	TATGATGTATATCAAGAGTTAAACGACAGTATCATGCAAGGTTATAAATTTATATGATCA	1068
Db	3115	TATGATATCTATATGATGAGTTGGATGACAGATGGCACAAAGCGGTTATTTGTATGATACA	3174
QY	1069	CGAAATGTCATACAAATGGTGACTTTACACAAAGATTAACAGGATGGCACACAGGA	1128
Db	3175	AGAAATATTTATTAATAAATGGTGATTTTACACAAAGGGTTAATGGGGTGCATGTAACTGGA	3234
QY	1129	AATGCCCGGTACAAACAAATGSAATGAGGCTTCAGTATTAAGTTCATCAAAATTTGAGGCG	1188
Db	3235	AATCCAGACGTACAAACAAATGAGTGAGTGTCTGATTTGTTCTATCTTAATTTGAGAGTCT	3294
QY	1189	GGGGTATCTCAAAACCTTGACGTCAAGATCATCATGATGATATGTATTGATGATTTGCC	1248
Db	3295	GGCGTATCTCAAAATGTCTCACTCCAACTATATCATGATGATGTCTTAACGTATATTGCC	3354
QY	1249	AAAAAAGAGACCTGGAAGAAAGGATATGACATGATGATGATTTGAAATGGAACACAGAA	1308
Db	3355	AAAAAAGAGACCTGGAAGAAATGGGTATGTACGCTTATGATTTGTGAGAGAAATCAAGAA	3414
QY	1309	ACACTTAAGTTCACTTCTTGGGAAGAGATATTTGACMAAAACATGAGAGATTTTCCCA	1368
Db	3415	AAATTTGACGTTTACGTTTGTGTGAAGAGATATTTTTCGAAGACAGTAGATGTTTCCCA	3474
QY	1369	GAAAGTATGCTGTACAGATTTGAAATAGAGAAACGAAAGTACATTTTATATGATATTC	1428
Db	3475	GATACAGATGTGTACCAATTTGAGATGAGCGAAACCAAGAGTTGCTTTTATATGAAAGC	3534
QY	1429	ATCAGAGTTGCTTTGTATGCAAGATATGATATACATATTAAC	1470
Db	3535	ATTGAATTAATTTCATGAACGAGTATTAATAAAAAATTAAC	3576

RESULT 15

BTTOXD2 3684 bp DNA linear BCT 18-APR-2005

LOCUS Bacillus thuringiensis israeliensis b8 gene for 130 kDa crystal protein (moquito-specific toxin).

DEFINITION X07423 X07423.1 GI:40353

ACCESSION X07423.1 GI:40353

VERSION delta-endotoxin; endotoxin; toxin.

KEYWORDS Bacillus thuringiensis

SOURCE Bacillus thuringiensis

ORGANISM Bacteria; Firmicutes; Bacillales; Bacillaceae; Bacillus; Bacillus cereus group.

REFERENCE 1 (bases 1 to 3684)

AUTHORS Chungatjapornchai,W., Hofte,H., Seurinck,J., Angsuthansombat,C. and Vaeeck,M.

TITLE Common features of Bacillus thuringiensis toxins specific for Diptera and Lepidoptera

JOURNAL Eur. J. Biochem. 173 (1), 9-16 (1988)

PUBMED 2833395

COMMENT Data kindly reviewed (14-FEB-1989) by Chungatjapornchai W.





**This Page Blank (uspto)**

GenCore version 5.1.7  
Copyright (c) 1993 - 2006 Bioacceleration Ltd.

OM nucleic - nucleic search, using 6w model

Run on: February 15, 2006, 03:28:43 ; Search time 7110 Seconds  
(without alignments)  
11094.658 Million cell updates/sec

Title: US-10-781-979-6

Perfect score: 1686

Sequence: 1 gtgagctcctatgcttacaag.....atcaagatataaccgttaa 1686

Scoring table: IDENTITY NUC  
Gapop 10.0 , Gapext 1.0

Searched: 41078325 seqs, 2339354128 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters: 82156650

Minimum DB seq length: 0

Maximum DB seq length: 200000000

Post-processing: Minimum Match 0%

Maximum Match 100%

Listing first 45 summaries

Database :

EST:\*  
1: gb\_est1:\*  
2: gb\_est2:\*  
3: gb\_est3:\*  
4: gb\_hic:\*  
5: gb\_est4:\*  
6: gb\_est5:\*  
7: gb\_est6:\*  
8: gb\_est7:\*  
9: gb\_g881:\*  
10: gb\_g882:\*  
11: gb\_g883:\*

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a score greater than or equal to the score of the result being printed, and is derived by analysis of the total score distribution.

#### SUMMARIES

Result No.	Score	Query Match	Length	DB ID	Description
1	67.6	4.0	302	10	CG807096 1118077G0
2	67.6	4.0	471	10	CG807194 1118078H0
3	66.2	3.9	363	10	CG807311 1118080F0
4	66	3.9	429	10	CG803197 1118039H0
5	63.6	3.8	241	10	CG807338 1118080H1
6	62.6	3.7	311	10	CG807109 1118077H0
7	62.4	3.7	430	10	CG803196 1118039H0
8	62	3.7	400	10	CG807323 1118080G0
9	61.8	3.7	707	10	CG187604 104_607_1
10	61.4	3.6	519	3	B1814949 PFEST0A80
11	60.8	3.6	471	10	CG807194 1118078H0
12	60.8	3.6	661	10	CG327486 104_823_1
13	60.8	3.6	697	8	DN635195 Cm mx0_43
14	60.8	3.6	712	8	DN738989 Cm mx0_51
15	60.8	3.6	844	10	BX139987 Dantio_rer
16	60.4	3.6	889	10	CG973509 A1RA-aaas
17	60.2	3.6	751	9	BZ063018 11a15b12
18	60	3.6	713	9	AZ217550 Sheared D
19	59.8	3.5	652	9	AQ160770 nbxb0006P
20	59.8	3.5	662	9	AQ051253 nbxb0001C
21	59.8	3.5	708	10	CG490123 f8bb001f2
22	59.8	3.5	744	10	CG434501 f8bb001f1

23	59.8	3.5	758	9	AZ183622
24	59.8	3.5	762	9	BZ062709 11e42d05
25	59.6	3.5	650	9	BZ423232 1d46h10.g
26	59.6	3.5	700	9	BZ421879 1d46h10.b
27	59.4	3.5	426	10	CG289335 104_768_1
28	59.2	3.5	352	10	CG965330 A1RA-aaat
29	59.2	3.5	595	9	AZ216659 Sheared D
30	59	3.5	401	9	BZ781689 1130h08.b
31	59	3.5	541	11	CMS04KUS
32	59	3.5	742	9	BZ781688
33	59	3.5	891	10	CG952279 TC838.1.B
34	58.8	3.5	231	10	CG807203 1118078H1
35	58.8	3.5	243	10	CG807338 1118080H1
36	58.8	3.5	505	9	BZ581494 PGH007N17
37	58.8	3.5	773	9	BH319159 AG-ND-160
38	58.4	3.5	520	9	AQ656286 Sheared D
39	58.4	3.5	755	10	CG501883 f8bb001f2
40	58.4	3.5	762	10	CL992030 ZMMBHf000
41	58.4	3.5	830	7	CK398276 AGENCOURT
42	58.2	3.5	379	10	CG807081 1118077E0
43	58.2	3.5	518	10	CG086559 PUDCQ11TD
44	58.2	3.5	567	10	CG302816 104_787_1
45	58.2	3.5	704	10	CG855086 she2k12-4

#### ALIGNMENTS

RESULT 1  
LOCUS CG807096 302 bp DNA linear GSS 10-NOV-2003  
DEFINITION 1118077G01.y1 1118 - Rescuemu Grid S Zea mays genomic, genomic  
survey sequence.  
ACCESSION CG807096  
VERSION CG807096.1 GI:38244598  
KEYWORDS GSS.  
SOURCE Zea mays  
ORGANISM Zea mays  
Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;  
Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Poales; Poaceae; PACCAD  
clade; Panicoidae; Andropogoneae; Zea.  
1 (bases 1 to 302)  
REFERENCE Walbot,V.  
AUTHORS Walbot,V.  
TITLES Maize genomic sequences found using engineered Rescuemu transposon  
JOURNAL Unpublished (2001)  
COMMENT Contact: Walbot V  
Department of Biological Sciences  
Stanford University  
855 California Ave, Palo Alto, CA 94304, USA  
Tel: 650 723 2227  
Fax: 650 725 8221  
Email: walbot@stanford.edu  
Plate: 1118077 column: 2  
Class: transposon-tagged.  
FEATURES  
source location/Qualifiers  
1..302  
/organism="Zea mays"  
/mol\_type="genomic DNA"  
/culturvar="mixed background W23/A188/B73"  
/db\_xref="taxon:4577"  
/tissue\_type="leaf"  
/tissue="leaf"  
/dev\_stage="adult"  
/lab\_host="DH10B"  
/clone\_lib="1118 - Rescuemu Grid S"  
/note="Organ: leaf; Vector: Rescuemu (engineered from  
BlueScript backbone); Site 1: BamHI; Site 2: BglII;  
Rescuemu is a 4.9 kb, modified maize Mu transposon  
designed to allow plasmid rescue from total genomic  
Mu elements insert preferentially into transcrip-  
tion units. For more information on Rescuemu, go to the web  
site 'www.zmdb.iastate.edu' and follow the links for  
'Rescuemu', 'Grid S was grown at San Diego in 2002. DNA was  
extracted from leaf strips, double digested using BamHI



**ORIGIN**

Query Match	Score	DB	Length	241
Best Local Similarity	55.8%	Pred. No. 8.5e-05;		
Matches 126; Conservative	0;	Mismatches 100; Indels	0;	Gaps 0;
QY	1454	ATGATAACATTATAACCTGACACGGGTATATGTATGTACCAAGTTATATGAAATT	1513	
Db	23	AT	82	
QY	1514	ATATACAAATATACAGGATGTGATATACCAAGGCTTACCAACACTATACCAAGACT	1573	
Db	83	AT	142	
QY	1574	CTAGTAT	1633	
Db	143	AT	202	
QY	1634	GTATACCAAGGCTATCTGCTGCTGATCATGTATATCAAGATATAT	1679	
Db	203	AT	248	
RESULT 5				
CG807338	241 bp	DNA	linear	GSS 10-NOV-2003
LOCUS	1118080H12.1EL.X1 1118	- Rescuemu Grid S Zea mays genomic, genomic		
DEFINITION	survay sequence.			
ACCESSION	CG807338.1	GI:38244982		
VERSION	CG807338.1	GI:38244982		
KEYWORDS	GSS.			
SOURCE	Zea mays			
ORGANISM	Zea mays			
REFERENCE	Eukaryotes; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Poales; Poaceae; PACCAD			
AUTHORS	clade; Panicoidae; Andropogoneae; Zea.			
TITLE	1 (Bases 1 to 241)			
JOURNAL	Maize genomic sequences found using engineered Rescuemu transposon			
COMMENT	Unpublished (2001)			
	Contact: Walbot V			
	Department of Biological Sciences			
	Stanford University			
	855 California Ave, Palo Alto, CA 94304, USA			
	Tel: 650 723 2227			
	Fax: 650 725 8221			
	Email: walbot@stanford.edu			
	Very probable ligation site of ends cut by single endonuclease.			
	Reverse complemented post-ligation sequence from source sequence.			
	Plate: 1118080 column: 3			
	Class: transposon-tagged.			
FEATURES	Location/Qualifiers			
Source	1..241			
	/organism="Zea mays"			
	/mol_type="genomic DNA"			
	/culivara="mixed background W23/A188/B73"			
	/db_xref="taxon:4577"			
	/db_xref="taxon:4577"			
	/class_type="leaf"			
	/dev_stage="adult"			
	/lab_host="DH10B"			
	/clone_lib="1118 - Rescuemu Grid S"			
	/note="Organ: leaf; Vector: Rescuemu (engineered from pBluescript backbone), Site 1: BamHI, Site 2: BglII; Rescuemu is a 4.9 kb, modified maize Mu transposon designed to allow plasmid rescue from total genomic DNA. Mu elements insert preferentially into transcription units. For more information on Rescuemu, go to the web site 'www.zmdb.iastate.edu' and follow the links for 'Rescuemu', Grid S was grown at San Diego in 2002. DNA was extracted from leaf strips, double digested using BamHI and BglII, and ligated to form circular plasmids. DH10B cells were transformed and then screened on LB plates with amp <sup>r</sup> cll11n."			



and BglII, and ligated to form circular plasmids. DH10B cells were transformed and then screened on LB plates with ampicillin."

## ORIGIN

Query Match 3.7%; Score 62.4; DB 10; Length 430;  
Best Local Similarity 53.8%; Pred. No. 0.0062;  
Matches 129; Conservative 0; Mismatches 111; Indels 0; Gaps 0;

QY 1440 TTGATGCAAGATATGATACATATATACCTGCACACGGTATATGTAGCAANG 1499  
DB 277 TTATGGGATAGTATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 218  
QY 1500 TTATATGGAATATATATCAAAATCTAGCATGTCTTACCAAGGTATACAAACA 1559  
DB 217 TTAT 158  
QY 1560 CTATACCAAGACTAGTATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1619  
DB 157 TTAT 98  
QY 1620 TTCGGTGCACATGTACCAAGGCAATCTGCTGTACATGTATCAAGATATTA 1679  
DB 97 TTAT 38

RESULT 8  
CG807323 400 bp DNA linear GSS 10-NOV-2003  
LOCUS 1118080G01.Y1 1118 - Rescuemu Grid S Zea mays genomic, genomic  
DEFINITION survey sequence.

ACCESSION CG807323  
VERSION CG807323.1 GI:38244959

KEYWORDS GSS.

SOURCE Zea mays

ORGANISM

Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;  
Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Poales; Poaceae; PACCAD  
clade; Panicoideae; Andropogoneae; Zea.

REFERENCE 1 (bases 1 to 400)  
Maize genomic sequences found using engineered Rescuemu transposon

AUTHORS Walbot, V.  
JOURNAL Unpublished (2001)

COMMENT

Contact: Walbot V  
Department of Biological Sciences  
Stanford University  
855 California Ave, Palo Alto, CA 94304, USA  
Tel: 650 723 2227  
Fax: 650 725 8221  
Email: walbot@stanford.edu  
Plate: 1118080 column: 3  
Class: transposon-tagged.  
Location/Qualifiers

FEATURES  
source 1..400

/organism="Zea mays"  
/mol\_type="genomic DNA"  
/cultiivar="mixed Background W23/A188/B73"  
/db\_xref="taxon:4577"  
/tissue\_type="leaf"  
/dev\_stage="adult"  
/lab\_host="DH10B"  
/clone\_lib="1118 - Rescuemu Grid S"  
/note="Organ: leaf; Vector: Rescuemu (engineered from pBluescript backbone); Site 1: BamHI; Site 2: BglII; Rescuemu is a 4.9 kb, modified maize Mu transposon designed to allow plasmid rescue from total genomic DNA. Mu elements insert preferentially into transcription units. For more information on Rescuemu, go to the web site 'www.zmdb.iastate.edu' and follow the links for 'Rescuemu.' Grid S was grown at San Diego in 2002. DNA was extracted from leaf strips, double digested using BamHI and BglII, and ligated to form circular plasmids. DH10B cells were transformed and then screened on LB plates with

ampicillin."

## ORIGIN

Query Match 3.7%; Score 62; DB 10; Length 400;  
Best Local Similarity 57.1%; Pred. No. 0.0076;  
Matches 113; Conservative 0; Mismatches 85; Indels 0; Gaps 0;

QY 1416 TTATATAGTACATCGAGTCTTGATGCAAGGATATGATCAATATACCTGCA 1475  
DB 148 TTAT 207  
QY 1476 CACGGTATATATGATGACCAAGTATATGAAATATATCAAAATCTAGCATGT 1535  
DB 208 TTAT 267  
QY 1536 GTATTACCAAGGATATACCAAGCACTATACCAAGACTCTAGTATATATATAT 1595  
DB 268 TTAT 327  
QY 1596 TTATATACATATGATGA 1613  
DB 328 TTAT 345

RESULT 9  
CW187604/c 707 bp DNA linear GSS 30-OCT-2004  
LOCUS 104\_607\_11172560.148 36727.032 Sorghum methylation filtered library  
DEFINITION (LibID: 104) Sorghum bicolor genomic clone 11172560, genomic survey  
sequence.

ACCESSION CW187604  
VERSION CW187604.1 GI:54895932

KEYWORDS GSS.

SOURCE Sorghum bicolor (sorghum)

ORGANISM

Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;  
Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Poales; Poaceae; PACCAD  
clade; Panicoideae; Andropogoneae; Sorghum.

REFERENCE 1 (bases 1 to 707)  
Bedell, J.A., Budiman, M.A., Nunberg, A., Citek, R.W., Robbins, D.,

Jones, D., Flick, E., Rohlfing, T., Fries, D., Bradford, K.,  
McMenamy, J., Smith, M., Holman, H., Roe, B.A., Wiley, G., Korff, I.F.,  
Rabinowicz, P.D., Lakey, N., McCombie, W.R., Jeddleloh, J.A. and  
Martienssen, R.A.

Sorghum genome sequencing by methylation filtration  
PLOS Biol. 3 (1), e13 (2005)

TITLE Sorghum genome sequencing by methylation filtration  
JOURNAL PLOS Biol. 3 (1), e13 (2005)  
PUBMED 15660154

COMMENT

Contact: Bedell JA  
Orion Genomics, LLC  
4041 Forest Park Ave, St. Louis, MO 63108, USA  
Tel: 314 615 6979  
Fax: 314 615 5975  
Email: jbedell@oriongenomics.com  
Plate: 607 row: b column: 08  
Seg primer: SWfor Forward  
Class: methylation filtered  
High quality sequence sctop: 707.  
Location/Qualifiers

FEATURES  
source 1..707

/organism="Sorghum bicolor"  
/mol\_type="genomic DNA"  
/cultiivar="Atx623"  
/db\_xref="taxon:4558"  
/clone="11172560"  
/clone\_lib="Sorghum methylation filtered library (LibID: 104)"  
/note="Organ: leaf; Vector: pBSCSK(-); Site 1: HincII; DNA prepared from purified nuclei was randomly sheared, end-repaired, size fractionated to enrich for the 0.5 to 5 kb fraction, ligated into HincII-digested pBSCSK(-) vector and electroporated into E. coli cells. This is a methylation filtered library."

ORIGIN

Query Match 3.7%; Score 61.8; DB 10; Length 707;  
Best Local Similarity 51.6%; Pred. No. 0.0093;  
Matches 141; Conservative 0; Mismatches 132; Indels 0; Gaps 0;

1413 ATTTATATAGATGATCGAGTTCCTTGTATGCAAGATATGATTAACAATATATACCT 1472  
1413 ATTTATATATTTATATATATTTGATTTGTCATTTACATATATATATATATATATATTA 242  
1473 GCACACGGGTATATGATATGATGACAAAGTTATATGAAATTTAATCAAAATCTAGCGA 1532  
241 TAAATTA 182  
1533 TGTGATATACCAAGGATTAACAACAGTATACCAAGCTCTAGTATATGATATATATCA 1592  
181 TAAATCA 122  
1593 AAAT 1652  
121 TAAAT 62  
1653 TGGCTGAT 1685  
61 TAAACAGAACAGTAT 29

RESULT 10  
B1814949 519 bp mRNA linear EST 03-OCT-2001  
LOCUS PFST0A08C12.Y1 Plasmodium falciparum 3D7 asexual cDNA Plasmodium  
DEFINITION falciparum 3D7 cDNA 5', mRNA sequence.  
B1814949  
VERSION B1814949.1 GI:15907816  
KEYWORDS EST.  
SOURCE Plasmodium falciparum 3D7  
ORGANISM Plasmodium falciparum 3D7  
Eukaryota; Alveolata; Apicomplexa; Haemosporida; Plasmodium.  
REFERENCE 1 (bases 1 to 519)  
AUTHORS Tang, K., Cole, R., Chakrabarti, D., Haywood, R., Clifton, S., Pape, D.,  
Matta, M., Hillier, L., Martin, J., Wylie, T., Dame, M., Theising, B.,  
Bowers, Y., Gibbons, M., Rittner, E., Bennett, D., Jentes, E., Ronko, I.,  
Teagareishvili, R., Belagorod, L., Franklin, C., Carr, L., Grow, A.,  
Maguire, L., Ritchey, J., Wadkins, J., Kennedy, S., Levine, D.,  
Waterston, R., Wilson, R. and Sibley, D.  
Washu Plasmodium EST Project  
Unpublished (2001)  
CONTACT: L. David Sibley  
Washu Plasmodium EST Project  
Washington University School of Medicine  
4444 Forest Park Parkway, Box 8501, St. Louis, MO 63108, USA  
Tel: 314 286 1800  
Fax: 314 286 1810  
Email: est@wustl.edu  
Library was constructed by Debopam Chakrabarti DNA sequencing by:  
Washington University Genome Sequencing Center for information on  
obtaining a clone please contact: L. David Sibley  
(sibley@borcim.wustl.edu), Washington University  
Seq primer: -400P from Gluco  
High quality sequence atop: 421.  
Location/Qualifiers  
1. 519  
/organism="Plasmodium falciparum 3D7"  
/mol\_type="mRNA"  
/db\_xref="taxon:36329"  
/lab\_host="DH10B (GeneHog, Invitrogen, Inc.)"  
/clone\_lib="Plasmodium falciparum 3D7 asexual cDNA"  
/note="Vector: pBluescript SK plus; Site 1: EcoRI; Site 2:  
XhoI; Library was constructed by Debopam Chakrabarti.  
Total RNA samples were isolated from mixed stage  
erythrocytes by the acid guanidinium-phenol chloroform  
method. The poly A+ RNA was isolated by the polyAT-Tract  
mRNA isolation system (Promega, WI) using streptavidin

Query Match 3.6%; Score 61.4; DB 3; Length 519;  
Best Local Similarity 51.7%; Pred. No. 0.0011;  
Matches 140; Conservative 0; Mismatches 111; Indels 0; Gaps 0;

1415 TTTAT 1474  
39 TTAAT 98  
1475 ACACGGGTAT 1534  
99 AT 158  
1535 TGTATATACCAAGGATTAACAACAATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1594  
159 AT 218  
1595 AT 1654  
219 AT 278  
1655 GCTGTAT 1685  
279 GTGCTCAAT 309

RESULT 11  
CG807194 471 bp DNA linear GSS 10-NOV-2003  
LOCUS 118078H01.Y1 1118 - Rescuedu Grid S Zea mays genomic, genomic  
DEFINITION survey sequence.  
CG807194  
VERSION CG807194.1 GI:38244754  
KEYWORDS GSS.  
SOURCE Zea mays  
ORGANISM Zea mays  
Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;  
Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Poales; Poaceae; PACCAD  
clade; Panicoideae; Andropogoneae; Zea.  
REFERENCE 1 (bases 1 to 471)  
AUTHORS Walbot, V.  
TITLE Zea mays  
JOURNAL Maize genomic sequences found using engineered Rescuedu transposon  
COMMENT Unpublished (2001)  
CONTACT: Walbot V  
Department of Biological Sciences  
Stanford University  
855 California Ave, Palo Alto, CA 94304, USA  
Tel: 650 723 2227  
Fax: 650 723 8221  
Email: walbot@stanford.edu  
Plate: 1118078 column: 2  
Class: transposon-tagged.  
Location/Qualifiers  
1. 471  
/organism="Zea mays"  
/mol\_type="genomic DNA"  
/cui\_livar="mixed background W23/A18/B73"  
/db\_xref="taxon:4577"  
/tissue\_type="leaf"  
/dev\_stage="adult"  
/lab\_host="DH10B"  
/clone\_lib="1118 - Rescuedu Grid S"  
/note="Organ: leaf; Vector: Rescuedu (engineered from

1.661  
;

```
/clone="Cm_mx0_43h08"
```

/tissue\_type="Gill, hypodermis, heart, hepatopancreas, antennal gland, brain, testis, muscle"  
/dev\_stage="Adult"  
/clone\_lib="Green Shore Crab Multiple Tissue, Normalized"  
/note="Vector: PCMV Sport 6.1; Total RNA samples were prepared individually from each tissue, checked for quality, then pooled for construction and normalization of the cDNA library by Invitrogen. Plasmids were isolated and inserts end-sequenced by the Marine DNA Sequencing and Analysis Facility at the Center for Marine Functional Genomic Studies, Mount Desert Island Biological Laboratory (J.N. Forrest, Jr., Director). Traces were processed for submission to dbEST by trace2dbest software (Parkinson, Anthony and Blaxter, unpublished software). The project was supported by NIH Grant Number P20-RR-16463 from the INBRE Program of the National Center for Research Resources (P.H. Hand, PI)."

## ORIGIN

Query Match 1 3.6%; Score 60.8; DB 8; Length 697;  
Best Local Similarity 56.5%; Pred. No. 0.0016;  
Matches 113; Conservative 0; Mismatches 87; Indels 0; Gaps 0;

OY 1414 TTTTATATAGATGATCGAGTTGCTTTGTATGCAAGATATGATTAACATTAACCTG 1473  
DB 564 TTCTAAAGGAAGACATATATTTATATATATGATTAATTAATATATAT 505  
OY 1474 CACACGGGTATATGTATGACCAAGTTAATGAATTAATCAAAATCTGCAGT 1533  
DB 504 AAT 445  
OY 1534 GTGATTACCAAGGTATACCAACTATACCAAGCTAGTATATATGATATCA 1593  
DB 444 TATTTATTTATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 385  
OY 1594 AATTACTTAACAATGATGA 1613  
DB 384 AATAATATATATATATATTA 365

RESULT 14  
DN738989/c 712 bp mRNA linear EST 31-MAR-2005  
LOCUS DN738989  
DEFINITION Cm mx0.51h03 SP6 Green Shore Crab multiple Tissue, Normalized  
Carcinus maenas cDNA clone Cm mx0.51h03.5, similar to  
ref|NP\_307078.1| TRANSLOCASE PROTEIN IATC HOMOLOG - Molinella  
succinogenes DSM 1740. Score = 33.9 bits (76), Expect = 4.0, mRNA  
sequence.  
DN738989  
EST. DN738989.1 GI:62115999

ACCESSION DN738989.1 GI:62115999  
VERSION DN738989  
KEYWORDS EST.  
SOURCE Carcinus maenas (green crab)  
ORGANISM Carcinus maenas  
Eukaryota; Metazoa; Arthropoda; Crustacea; Malacostraca;  
Eumalacostraca; Eucarida; Decapoda; Pleocyemata; Brachyura;  
Eubrachyura; Portunoidae; Portunidae; Carcinus.

REFERENCE 1 (bases 1 to 712)  
Towle,D.W. and Smith,C.M.  
Expressed sequence tags in a normalized cDNA library prepared from  
multiple tissues of adult green shore crab, Carcinus maenas  
unpublished (2005)  
JOURNAL Contact: David W. Towle  
Marine DNA Sequencing and Analysis Center  
Mount Desert Island Biological Laboratory  
Old Bar Harbor Road, Salsbury Cove, ME 04672 USA  
Tel: 207-288-9880 x474  
Fax: 207-288-2130  
Email: dtowle@mdibl.org

FEATURES  
source Plate: 51 row: h column: 03  
Seq primer: SP6  
High quality sequence stop: 508.  
Location/Qualifiers  
1..712

/organism="Carcinus maenas"  
/mol\_type="mRNA"  
/db\_xref="taxon:6759"  
/clone="Cm mx0.51h03"  
/tissue\_type="Gill, hypodermis, heart, hepatopancreas, antennal gland, brain, testis, muscle"  
/dev\_stage="Adult"  
/clone\_lib="Green Shore Crab Multiple Tissue, Normalized"  
/note="Vector: PCMV Sport 6.1; Total RNA samples were prepared individually from each tissue, checked for quality, then pooled for construction and normalization of the cDNA library by Invitrogen. Plasmids were isolated and inserts end-sequenced by the Marine DNA Sequencing and Analysis Facility at the Center for Marine Functional Genomic Studies, Mount Desert Island Biological Laboratory (J.N. Forrest, Jr., Director). Traces were processed for submission to dbEST by trace2dbest software (Parkinson, Anthony and Blaxter, unpublished software). The project was supported by NIH Grant Number P20-RR-16463 from the INBRE Program of the National Center for Research Resources (P.H. Hand, PI)."

## ORIGIN

Query Match 1 3.6%; Score 60.8; DB 8; Length 712;  
Best Local Similarity 56.5%; Pred. No. 0.0016;  
Matches 113; Conservative 0; Mismatches 87; Indels 0; Gaps 0;

OY 1414 TTTTATATAGATGATCGAGTTGCTTTGTATGCAAGATATGATTAACATTAACCTG 1473  
DB 564 TTCTAAAGGAAGACATATATTTATATATATGATTAATTAATATATAT 505  
OY 1474 CACACGGGTATATGTATGACCAAGTTAATGAATTAATCAAAATCTAGCAT 1533  
DB 504 AAT 445  
OY 1534 GTGATTACCAAGGTATACCAACTATACCAAGCTAGTATATATGATATCA 1593  
DB 444 TATTTATTTATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 385  
OY 1594 AATTACTTAACAATGATGA 1613  
DB 384 AATAATATATATATATATTA 365

RESULT 15  
BX139987 844 bp DNA linear GSS 13-MAR-2003  
LOCUS BX139987  
DEFINITION Danio rerio genomic clone DKEX-99E7, genomic survey sequence.  
ACCESSION BX139987  
VERSION BX139987.1 GI:27971314  
KEYWORDS GSS.

SOURCE Danio rerio (zebrafish)  
ORGANISM Danio rerio  
Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;  
Actinopterygii; Neopterygii; Teleostei; Ostariophysi;  
Cypriniformes; Cyprinidae; Danio.

REFERENCE 1 (bases 1 to 844)  
Humphray,S.J., Huckle,E. and Durham,J.L.  
Direct Submission  
Submitted (13-MAR-2003) The Sanger Institute, Wellcome Trust Genome  
Campus, Hinxton, Cambridgeshire, CB10 1SA, UK. E-mail enquiries:  
humphray@sanger.ac.uk Unpublished  
This sequence was generated from the T7 end of BAC 99E7. 99E7 is  
part of the Daniokey BAC library created by R. Plaisterk and N.V.  
Keygene. Further details:  
http://www.sanger.ac.uk/Projects/D\_rerio/.

FEATURES  
source 1..844  
/organism="Danio rerio"  
/mol\_type="genomic DNA"  
/db\_xref="taxon:7955"  
/clone="DKEX-99E7"  
/tissue\_type="Testis"

ORIGIN /note="vector pindigobAC-536"

Query Match 3.6%; Score 60.8; DB 10; Length 844;

Best Local Similarity 51.9%; Pred. No. 0.0017;

Matches 137; Conservative 0; Mismatches 127; Indels 0; Gaps 0;

```
OY 1416 TTATATAGATGACATCGAGTTCCTTGTATGCAAGGATATGTTAACATATATACCTGCA 1475
    |||||
DB 493 TAAATATGATATATTTGATGATTAATTAATTAATGATATATTAATTAATGATTAATTA 552
    |||||
OY 1476 CACGGTAAATATGATGACCAAGTTATTAATGGAATTATATCAAAATACAGGATGT 1535
    |||||
DB 553 TAAATGATTAATTAATTAATTAATGATTAATTAATGATTAATTAATGATTAATTA 612
    |||||
OY 1536 GTATTACCAAGGATATACCAACTATTAACCAAGCTAGTAAATATGATTAATCAAAA 1595
    |||||
DB 613 TAAATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATGATTAATTA 672
    |||||
OY 1596 TTATACCTAACAAATGATGACCTGCAATTCGGTTGCAATGTAACCAAGGATTAACCTGG 1655
    |||||
DB 673 TAAATGATTAATTAATGATTAATTAATTAATTAATGATTAATTAATGATTAATTA 732
    |||||
OY 1656 CTGTACATGTAATCAAGGATTAATTA 1679
    |||||
DB 733 CAATTAATTAATTAATTAATGATTA 756
    |||||
```

Search completed: February 15, 2006, 05:32:47  
Job time : 714 secs

!

**This Page Blank (uspto)**

1	1686	100.0	1686	13	ADR89405
2	1686	100.0	5980	13	ADR89400
3	914.8	54.3	4391	14	AEA51394
4	784.8	46.5	3684	1	AAm82106
5	783.2	46.5	3684	6	ABK11949
6	783.2	46.5	3684	14	AEA61392
7	783.2	46.5	4065	1	AAm92515
8	781.6	46.4	3535	1	AAm91003
9	776	46.0	4184	1	AAm96139
10	772.6	45.8	4934	1	AAm81490
11	763.8	45.3	3543	2	AAQ81178
12	763.2	45.2	3543	2	AAQ14669
13	708.2	42.0	10974	1	AAm60055
14	637.8	37.8	4571	1	AAm93059
15	448.6	26.6	3940	1	AAm93054
16	384.2	22.8	4359	8	ABX13486
17	384.2	22.8	4359	14	ABE90814
18	379	22.5	3690	6	ABK51132
19	357.4	21.2	3797	2	AAQ36866

20	357.4	11.2	3797	2	AA056975	Aa056975 B. thuring
21	331	19.6	3756	1	AA050525	Aa050525 Bacillus
22	315	18.7	3471	2	AAQ51704	Aa51704 Bacillus
23	313	18.6	4896	6	AAD43974	Aad43974 Bacillus
24	313	18.6	4896	10	ADF31301	Adf31301 Bacillus
25	313	18.6	4896	10	ADF31306	Adf31306 Bacillus
26	312.8	18.6	4366	8	ABX13497	Bx13497 B. popill
27	312.8	18.6	4366	14	AEBS0830	Aeb0830 Paenibact
28	311.8	18.5	3471	2	AAQ30821	AaQ30821 Dexta-50C
29	311.8	18.5	3471	2	AAQ27167	AaQ27167 Delta-end
30	311.8	18.5	3471	2	AAQ28940	B. thuring
31	311.8	18.5	3471	2	AAQ38653	AaQ38653 Bc. isolat
32	311.8	18.5	3471	2	AA743222	Aat43222 Antiscara
33	306.4	18.2	4359	8	ABX13496	Bx13496 B. popill
34	306.4	18.2	4359	14	AEBS0838	Aeb0838 Paenibact
35	306.2	18.2	4004	2	AAQ05680	AaQ05680 bPGS1245
36	304.6	18.1	3414	2	AAQ05922	AaQ05922 Bacillus
37	303	18.0	3414	2	AAQ41745	AaQ41745 DNA encod
38	302.6	17.9	3621	12	ABK87234	Abk87234 Bacillus
39	302.6	17.9	3621	12	AD151304	Ad151304 B. thuring
40	302.6	17.9	3621	14	AEBS5606	Aeb55606 B. thurin
41	302.6	17.9	3621	14	AEBS4684	Aeb54684 Bacillus
42	302.6	17.9	3633	6	ABK87235	Abk87235 Bacillus
43	302.6	17.9	3633	12	AD151306	Ad151306 B. thuring
44	302.6	17.9	3633	14	AEBS5608	Aeb55608 B. thurin
45	302.6	17.9	4874	6	ABK87247	Abk87247 Bacillus

## ALIGNMENTS

RESULT 1  
ADR89405  
ID ADR89405 standard; cDNA; 1686 BP

AC ADR89405;

DT 18-NOV-2004 (first entry)

DE AXMI-008orf2 coding sequence.

KW gene; delta-endotoxin associated polypeptide;  
KW ss; gene; delta-endotoxin associated polypeptide;  
KW expression cassette; plant; bacteria;  
KW

KM lepidoptera; coleoptera; pestc; pestucicide; rebistance;  
pesticidal activity.

OS *Bacillus thuringiensis*.

FH	Key	Location/Qualifiers
1	1	1
2	2	2
3	3	3
4	4	4
5	5	5
6	6	6
7	7	7
8	8	8
9	9	9
10	10	10
11	11	11
12	12	12
13	13	13
14	14	14
15	15	15
16	16	16
17	17	17
18	18	18
19	19	19
20	20	20
21	21	21
22	22	22
23	23	23
24	24	24
25	25	25
26	26	26
27	27	27
28	28	28
29	29	29
30	30	30
31	31	31
32	32	32
33	33	33
34	34	34
35	35	35
36	36	36
37	37	37
38	38	38
39	39	39
40	40	40
41	41	41
42	42	42
43	43	43
44	44	44
45	45	45
46	46	46
47	47	47
48	48	48
49	49	49
50	50	50
51	51	51
52	52	52
53	53	53
54	54	54
55	55	55
56	56	56
57	57	57
58	58	58
59	59	59
60	60	60
61	61	61
62	62	62
63	63	63
64	64	64
65	65	65
66	66	66
67	67	67
68	68	68
69	69	69
70	70	70
71	71	71
72	72	72
73	73	73
74	74	74
75	75	75
76	76	76
77	77	77
78	78	78
79	79	79
80	80	80
81	81	81
82	82	82
83	83	83
84	84	84
85	85	85
86	86	86
87	87	87
88	88	88
89	89	89
90	90	90
91	91	91
92	92	92
93	93	93
94	94	94
95	95	95
96	96	96
97	97	97
98	98	98
99	99	99
100	100	100

```
/*tag= a
/
FT
```

```

/translate_except= pos:1..3, aa:Met

```

PN WO2004014462-A2  
XX

FD  
XX 02-SEP-2004.

XX

PR 20-FEB-2003; 2003US-0448633P.

PR 20-FEB-2003; 2003US-0448806P.

PR 20-FEB-2003; 2003US-0448812P.  
PR 19-FEB-2004; 2004US-00781979

PR 19-FEB-2004; 2004US-00782096; PR 19-FEB-2004; 2004US-00782020

PR 19-FEB-2004; 2004US-00782570.

XX

PA	(ATHE-) ATHENIX CORP.
XX	
PI	Carozi N, Hargies T, Koziel MG, Duck NB, Carr B;
XX	
DR	WPI: 2004-635574/61.
XX	P-PsDB; ADR89406.
PT	New isolated delta-endotoxin and delta-endotoxin-associated nucleic acids
XX	and polypeptides, useful for killing lepidopteran or coleopteran pests or
PS	for producing organisms with pesticide resistance.
XX	
CC	Claim 1; SEQ ID NO 17, 178bp; English.
XX	
CC	This sequence encodes an isolated delta-endotoxin. Some of the delta-
CC	endotoxin coding sequences of the invention have alternative start
CC	codons, producing more than one protein from a single open reading frame.
CC	The nucleic acid sequences of the invention are useful in DNA constructs
CC	or expression cassettes for transformation and expression in plants and
CC	bacteria. The nucleic acids and corresponding polypeptides are useful for
CC	killing lepidopteran or coleopteran pests. Compositions containing the
CC	delta-endotoxins of the invention, and methods for their production, are
CC	useful for the production of organisms with pesticide resistance,
CC	specially bacteria and plants. These organisms are useful for
CC	generating altered or improved delta-endotoxin or delta-endotoxin-
CC	associated proteins that have pesticidal activity, or for detecting the
CC	presence of delta-endotoxin or delta-endotoxin-associated proteins or
CC	nucleic acids in products or organisms.
SQ	Sequence 1686 BP; 624 A; 268 C; 348 G; 446 T; 0 U; 0 Other;
Query Match	100.0%; Score 1686; DB 13; Length 1686;
Best Local Similarity	100.0%; Pred. No. 0;
Matches 1686; Conservative	0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;
OY	1 GGAGATGCCAAGCTTTTCAAGTAGTCGAAATACGTTAAATAGAAAAGCAGATATT 60
DB	1 GGAGATGCCAAGCTTTTCAAGTAGTCGAAATACGTTAAATAGAAAAGCAGATATT 60
OY	61 GAATATAGATCAAGCGGCATTTCTATAGATGTATGTCAAGTAACAATAATCTCAGGA 120
DB	61 GAATATAGATCAAGCGGCATTTCTATAGATGTATGTCAAGTAACAATAATCTCAGGA 120
OY	121 AAAATATGTTATGGAGTGAATTAABAATCGCAAAACAATTAGTCACTCTCGTATCTA 180
DB	121 AAAATATGTTATGGAGTGAATTAABAATCGCAAAACAATTAGTCACTCTCGTATCTA 180
OY	181 CTCCAAATAGGACTTTTCTGGGAATGATTGGACATTCGGTAATGATATTATCATAGA 240
DB	181 CTCCAAATAGGACTTTTCTGGGAATGATTGGACATTCGGTAATGATATTATCATAGA 240
OY	241 TCATATATTCCTATTTTTTAAAGAAATTTCTACAGATGCGTGAGCAAGACATATAT 300
DB	241 TCATATATTCCTATTTTTTAAAGAAATTTCTACAGATGCGTGAGCAAGACATATAT 300
OY	301 GGAATCTATTTCCAACCTATATCTGTCAAAAAATATGATGAGTCTAAATTAACCATAT 360
DB	301 GGAATCTATTTCCAACCTATATCTGTCAAAAAATATGATGAGTCTAAATTAACCATAT 360
OY	361 ACAGCTTATCGAGTGAAGAGGTTTGTGGAAATGATTAAGATTGAATTAATGTTAACA 420
DB	361 ACAGCTTATCGAGTGAAGAGGTTTGTGGAAATGATTAAGATTGAATTAATGTTAACA 420
OY	421 CGTTACGGGAAAGAAATGATGCTATCATGATGTTCCAAATGATTTGGCCCTATATGCG 480
DB	421 CGTTACGGGAAAGAAATGATGCTATCATGATGTTCCAAATGATTTGGCCCTATATGCG 480
OY	481 CCTATTCCTTCATGTGAGATTTATCGCTGTGAATCATCGTCTCAATATGTGACCAAGG 540
DB	481 CCTATTCCTTCATGTGAGATTTATCGCTGTGAATCATCGTCTCAATATGTGACCAAGG 540
OY	541 TATCTTAACCAACGATGATATGCTCCCGATATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 600
DB	541 TATCTTAACCAACGATGATATGCTCCCGATATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 600

Oy		601	AGAAAGCATGTGAAGTGTCAACATCGTCATCCATTGTAATTTTCATPATTGACACGGAGAA	660
Db		601	AGAAAAGCATGTGAAGTGTCAACATCGTCATCCATTGTAATTTTCATPATTGACACGGAGAA	660
Oy		661	GTAGATACAATAATCAAATGTAGAGTATTTGATGCTTAAATTTTCAATCCAGATGGA	720
Db		661	GTAGATACAATAATCAAATGTAGAGTATTTGATGCTTAAATTTTCAATCCAGATGGA	720
Oy		721	TACGCTACAGTAGAGGAATCTAGAAGTCAATTGAGAAGGACCCTAACAGGTGAAGCATTG	780
Db		721	TACGCTACAGTAGAGGAATCTAGAAGTCAATTGAGAAGGACCCTAACAGGTGAAGCATTG	780
Oy		781	GCACATGTGAAAACAAAAGAGAAAAATGGAACAACATGAGAAAAAAGCCTTTGGAA	840
Db		781	GCACATGTGAAAACAAAAGAGAAAAATGGAACAACATGAGAAAAAAGCCTTTGGAA	840
Oy		841	ACACAACAAGCCTATGATCCAGCAAAAACGAGCTGTAGATGCATTAATTACAAATGAACA	900
Db		841	ACACAACAAGCCTATGATCCAGCAAAAACGAGCTGTAGATGCATTAATTACAAATGAACA	900
Oy		901	GAGTTACACTATCATATATTACTTTAGATCATATTCAAAACGCTGATCCGACTGGTACAGTCG	960
Db		901	GAGTTACACTATCATATATTACTTTAGATCATATTCAAAACGCTGATCCGACTGGTACAGTCG	960
Oy		961	ATTCCCTATGTATACCAATAATTGGTTAACCGAATCCTCCAGGTATGAACCTATGATGTATAT	1020
Db		961	ATTCCCTATGTATACCAATAATTGGTTAACCGAATCCTCCAGGTATGAACCTATGATGTATAT	1020
Oy		1021	CAGAAGTTAAACGACGATCATGCAAGGTAATATTTATATGTATGACACGAATATGATATA	1080
Db		1021	CAGAAGTTAAACGACGATCATGCAAGGTAATATTTATATATGATGACAGAAATGTATA	1080
Oy		1081	ACAAATGSGTACTTTACANAGATTCACAGGATGCGCACGCAACGAAATGCCCGGTA	1140
Db		1081	ACAAATGSGTACTTTACANAGATTCACAGGATGCGCACGCAACGAAATGCCCGGTA	1140
Oy		1141	CAACAATGSGATGAGGCTTCAGTATTTGGTTCTCAAAATGGAGCGGGGGTATCTCAA	1200
Db		1141	CAACAATGSGATGAGGCTTCAGTATTTGGTTCTCAAAATGAGCGGGGGTATCTCAA	1200
Oy		1201	AACCTGCATGCTCAAGATCATCATGATATGTTCGTGATTCGTGATTCGCAAAAAAGAA	1260
Db		1201	AACCTGCATGCTCAAGATCATCATGATATGTTCGTGATTCGTGATTCGCAAAAAAGAA	1260
Oy		1261	CCTGAAAAAGGATATGTAAAGATGATGATTTGTAAATGGAACGAGAAACCTTAAGTTC	1320
Db		1261	CCTGAAAAAGGATATGTAAAGATGATGATTTGTAAATGGAACGAGAAACCTTAAGTTC	1320
Oy		1321	ACTTTCGCAAGAAAGATATATATGACAAAACAGTAGAGATTTCCGAGAAATGATTCGT	1380
Db		1321	ACTTTCGCAAGAAAGATATATATGACAAAACAGTAGAGATTTCCGAGAAATGATTCGT	1380
Oy		1381	GTAAGGATTTGAAATAGAGAAACCGAAGGTACATTTTATATAGATAGCATCGAAGTCTT	1440
Db		1381	GTAAGGATTTGAAATAGAGAAACCGAAGGTACATTTTATATAGATAGCATCGAAGTCTT	1440
Oy		1441	TGTATGCAAGATATGATTAACAATATPAACTTGCACCGGTAATATGATGACCAAGT	1500
Db		1441	TGTATGCAAGATATGATTAACAATATPAACTTGCACCGGTAATATGATGACCAAGT	1500
Oy		1501	TATAATGGAATTTATCAAAATACGATGATGATTAATCAAGAGGATATACAAAC	1560
Db		1501	TATAATGGAATTTATCAAAATACGATGATGATTAATCAAGAGGATATACAAAC	1560
Oy		1561	TATAACCAAGCTCTAGTAATATGTATPATAAATTAATACTAACATGATGACCTGCAT	1620
Db		1561	TATAACCAAGCTCTAGTAATATGTATPATAAATTAATACTAACATGATGACCTGCAT	1620
Oy		1621	TCCGTTGCAATGTAAACCAAGGCGCATPACTCTGCTGTATCATGTAAATCAAGGATATPAC	1680
Db		1621	TCCGTTGCAATGTAAACCAAGGCGCATPACTCTGCTGTATCATGTAAATCAAGGATATPAC	1680

QY 1681 CCTTA 1686  
DB 1681 CCTTA 1686  
RESULT 2  
ID ADR89400 standard; cDNA, 5980 BP.  
AC ADR89400;  
XX 18-NOV-2004 (first entry)  
DT AXMI-008 full length coding sequence.  
DE ss; gene; delta-endotoxin; delta-endotoxin associate polypeptide;  
KW expression cassette; transformation; transgenic; plant; bacteria;  
KW lepidoptera; coleoptera; pest; pesticide; resistance;  
KW pesticidal activity.  
XX Bacillus thuringiensis.  
XX  
XX  
FH Key Location/Qualifiers  
FT CDS 168..2249  
FT /tag= a  
FT /product= "AXMI-008"  
FT /trans\_except= pos:168..170, aa:Met  
XX MO2004074462-A2.  
XX 02-SEP-2004.  
XX 20-FEB-2004; 2004WO-US005829.  
XX 20-FEB-2003; 2003US-0448632P.  
XX 20-FEB-2003; 2003US-0448633P.  
XX 20-FEB-2003; 2003US-0448797P.  
XX 20-FEB-2003; 2003US-0448806P.  
XX 20-FEB-2003; 2003US-0448810P.  
XX 20-FEB-2003; 2003US-0448812P.  
XX 19-FEB-2004; 2004US-00781979.  
XX 19-FEB-2004; 2004US-00782020.  
XX 19-FEB-2004; 2004US-00782096.  
XX 19-FEB-2004; 2004US-00782141.  
XX 19-FEB-2004; 2004US-00782570.  
XX 19-FEB-2004; 2004US-00783417.  
XX (ATHE-) ATHEINX CORP.  
XX Carozzi N, Hargiss T, Koziel MG, Duck NB, Carr B;  
XX MPI; 2004-635574/61.  
XX P-PSDB; ADR89402.  
XX New isolated delta-endotoxin and delta-endotoxin-associated nucleic acids  
XX and polypeptides, useful for killing lepidopteran or coleopteran pests or  
XX for producing organisms with pesticide resistance.  
XX Claim 1; SEQ ID NO 12; 178bp; English.  
XX  
XX This sequence encodes an isolated delta-endotoxin. Some of the delta-  
XX endotoxin coding sequences of the invention have alternative start  
XX codons, producing more than one protein from a single open reading frame.  
XX The nucleic acid sequences of the invention are useful in DNA constructs  
XX or expression cassettes for transformation and expression in plants and  
XX bacteria. The nucleic acids and corresponding polypeptides are useful for  
XX killing lepidopteran or coleopteran pests. Compositions containing the  
XX delta-endotoxin of the invention, and methods for their production, are  
XX useful for the production of organisms with pesticide resistance,  
XX specifically bacteria and plants. These organisms are useful for  
XX generating altered or improved delta-endotoxin or delta-endotoxin-  
XX associated proteins that have pesticidal activity, or for detecting the  
XX presence of delta-endotoxin or delta-endotoxin-associated proteins or

CC nucleic acids in products or organisms.  
XX  
SQ Sequence 5980 BP; 2018 A; 976 C; 1146 G; 1840 T; 0 U; 0 Other;  
Query Match 100.0%; Score 1686; DB 13; Length 5980;  
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 0;  
Matches 1686; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;  
QY 1 GTGAGTCTGATGTTTACAGTAGTAGCAAAAATACGTTAAATAATGAAACGACATAT 60  
DB 2309 GTGAGTCTGATGTTTACAGTAGTAGCAAAAATACGTTAAATAATGAAACGACATAT 2368  
QY 61 GAAATGATCAAGCGCCATTCTATAGAAATGATAGTAAACAAATCTCAGGAA 120  
DB 2369 GAAATGATCAAGCGCCATTCTATAGAAATGATAGTAAACAAATCTCAGGAA 2428  
QY 121 AAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 180  
DB 2429 AAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2488  
QY 181 CTCGAAAATGAGACTTTCTGGGAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 240  
DB 2489 CTCGAAAATGAGACTTTCTGGGAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2548  
QY 241 TCCATATATCCAT 300  
DB 2549 TCCATATATCCAT 2608  
QY 301 GGAATCTATATCCAT 360  
DB 2609 GGAATCTATATCCAT 2668  
QY 361 ACAGCTTATCGAGTAAGAGGTTTGTGGAAAGTAAAGATTAAGATTAAGTAAAGTAAAG 420  
DB 2669 ACAGCTTATCGAGTAAGAGGTTTGTGGAAAGTAAAGATTAAGATTAAGTAAAGTAAAG 2728  
QY 421 CGTTACGGGAAAGAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 480  
DB 2729 CGTTACGGGAAAGAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2788  
QY 481 CCTAATCCTTCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 540  
DB 2789 CCTAATCCTTCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2848  
QY 541 TATCTTACCAACCAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 600  
DB 2849 TATCTTACCAACCAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2908  
QY 601 AGAAGCATGTAAGTGCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 660  
DB 2909 AGAAGCATGTAAGTGCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2968  
QY 661 GTAGATACAAATACAAATAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 720  
DB 2969 GTAGATACAAATACAAATAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3028  
QY 721 TAGGTAAGTGAAGGAAATCTAGAGTCAATGAAAGACCACTAACAGTGAAGCATTTG 780  
DB 3029 TAGGTAAGTGAAGGAAATCTAGAGTCAATGAAAGACCACTAACAGTGAAGCATTTG 3088  
QY 781 GCACATGTAAGGAAAGGAAAGGAAAGGAAAGGAAAGGAAAGGAAAGGAAAGGAAAGGAA 840  
DB 3089 GCACATGTAAGGAAAGGAAAGGAAAGGAAAGGAAAGGAAAGGAAAGGAAAGGAAAGGAA 3148  
QY 841 ACACAGCAAGCTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 900  
DB 3149 ACACAGCAAGCTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3208  
QY 901 GAGTTACAT 960  
DB 3209 GAGTTACAT 3268  
QY 961 ATTCCAT 1020

Db	3269	ATTCCCTATGTATACCATTAATTTGGTTACCGAATGCTCCAGGTATGAATTATGATATATAT	3328
Qy	1021	CAAGAGTTAAACGACGATATCATGCAAGGTTATAAATTTATATGATGACGAATATCATTA	1080
Db	3329	CAAGAGTTAAACGACGATATCATGCAAGGTTATAAATTTATATGATGACGAATATCATTA	3388
Qy	1081	ACAAATGSGTACTTTTACACAAAGATTTACAGGATGCGACGCAACAGAAATGCCCGGTA	1140
Db	3389	ACAAATGSGTACTTTTACACAAAGATTTACAGGATGCGACGCAACAGAAATGCCCGGTA	3448
Qy	1141	CAACAAATGATGAGCTTCAATATTAAGTTCTATCAAAAATTTGAGCGCGGGGATCTCTCA	1200
Db	3449	CAACAAATGATGAGCTTCAATATTAAGTTCTATCAAAAATTTGAGCGCGGGGATCTCTCA	3508
Qy	1201	AACTTGCAATGCTCAAGATCATCATGATATGTTTACGTGTATTTCCAAAAAGAGCA	1260
Db	3509	AACTTGCAATGCTCAAGATCATCATGATATGTTTACGTGTATTTCCAAAAAGAGCA	3568
Qy	1261	CCTGGAAGAGGATATGTAACGATGATGGAATTTGTATATGGAAGACAGAAACCTTAAGTT	1320
Db	3569	CCTGGAAGAGGATATGTAACGATGATGGAATTTGTATATGGAAGACAGAAACCTTAAGTT	3628
Qy	1321	ACTTCTTGCAGAGAGATATATGACAAACACATGAGGATATTTCCAGAAAGTGATCGT	1380
Db	3629	ACTTCTTGCAGAGAGATATATGACAAACACATGAGGATATTTCCAGAAAGTGATCGT	3688
Qy	1381	GTAACGATTTGAATATGAGAAACCGAAGTACATTTTATATATGATATGATGAGTTGCTT	1440
Db	3689	GTAACGATTTGAATATGAGAAACCGAAGTACATTTTATATATGATATGATGAGTTGCTT	3748
Qy	1441	TGTATGCAAGATATGATATACATATATAACTGCACACGGGTAATATGATAGCAAAAGT	1500
Db	3749	TGTATGCAAGATATGATATACATATATAACTGCACACGGGTAATATGATAGCAAAAGT	3808
Qy	1501	TATATATGAAATTTATATCAAAAATCTAGCGATGTGTATTTACAAAGGTTATCAAAAC	1560
Db	3809	TATATATGAAATTTATATCAAAAATCTAGCGATGTGTATTTACAAAGGTTATCAAAAC	3868
Qy	1561	TATATCAAGACTCTAGTATATATGATATCAAAATTTATCTAACATATGATGACCTGCAT	1620
Db	3869	TATATCAAGACTCTAGTATATATGATATCAAAATTTATCTAACATATGATGACCTGCAT	3928
Qy	1621	TCCGGTTGCACATGTATACCAAGGGCATTACTTGCTGTATCATATCAAGATATATAC	1680
Db	3929	TCCGGTTGCACATGTATACCAAGGGCATTACTTGCTGTATCATATCAAGATATATAC	3988
Qy	1681	CGTTAA 1686	
Db	3989	CGTTAA 3994	
RESULT 3			
AEA61394			
ID	AEA61394 standard; DNA; 4391 BP.		
XX	AEA61394;		
XX	11-AUG-2005 (first entry)		
XX	Bacillus thuringiensis Cry19Aa coding sequence, SFO ID 4.		
XX	Insecticide; crystal protein; Cry19Aa; gene; ds.		
XX	Bacillus thuringiensis.		
XX	Key Location/Qualifiers		
FT	CDS	719..2665	
FT	/tag= a		
FT	/product= "Cry19Aa"		
XX	US2005124803-A1.		

Query Match	54.3%; Score 914.8; DB 14; Length 4391;
Best Local Similarity	76.0%; Pred. No. 1.1e-194;
Matches 1187; Conservative	0; Mismatches 357; Indels 18; Gaps 4;
09-JUN-2005.	
30-AUG-2004; 2004US-00929754.	
29-AUG-2003; 2003US-0498826P.	
(OHIS ) UNIV OHIO STATE RES POUND.	
Dean DH, Abdullah MA;	
WPI, 2005-417057/42.	
P-PSDB; AEA61393.	
EMBL; Y07603.	
New modified <i>Bacillus thuringiensis</i> insecticidal crystal proteins (i.e. Cry4Ba and Cry19a) with enhanced toxicity, useful for reducing or eliminating populations of target insects (i.e. mosquitoes) that are vectors of disease.	
Disclosure; SEQ ID NO 4; 63pp; English.	
The present invention relates to modified insecticidal <i>Bacillus thuringiensis</i> crystal proteins Cry4Ba and Cry19a which have enhanced toxicity against a variety of insects, e.g. mosquito and lepidoptera. The modified proteins are useful for reducing or eliminating populations of target insects that are vectors of disease, particularly mosquitoes. The present sequence is the coding sequence of the wild-type Cry19a protein, which can be modified with: a substitution of amino acids at positions 355 through 358 with amino acids tyrosine, glutamine, aspartic acid, and leucine; an insertion of at least one amino acid (e.g. arginine) after position 358 and a deletion of the amino acids at positions 414 through 418.	
Sequence 4391 BP; 1557 A; 630 C; 914 G; 1290 T; 0 U; 0 Other;	
1 GTGAGTCCATGTTTACAGATGATACGAAAAATCGTTAAAAATGAAAGCAGATTAT 60	
2799 GTGAATTTTATGCTTACAGTGGCGGAAAAATATGTTAAACTGAAACGACGATTAT 2858	
61 GAAATAGATCAAGCGGCATTTCTATAGATATGATGTCAAGTGAACAAATCTCAGGAA 120	
2859 GAAATAGATCAAAATGGGGAATGCTATGAAATATGTCAAGTGAACATATTCAAGGAA 2918	
121 AAATATATGTTATGGAGATGAATAAATCGGCAAAACACTTACTCACTCTGTAATCTA 180	
2919 AAAATGATGCAATGGCATGACATTAATAATGCGCAAAACATTTGACGACGTAATTTTA 2978	
181 CTCGAAAAATGAGACTT-----TTCGGGGAATATTTGACACTTCGGTAATGATATTATC 234	
2979 CTTCAAAATGATGATTTTGGAGATTATTTAGTGAATGACTCAAGTAAATCAATGATGCC 3038	
235 ATGAGATTCAAATATCTATTTTTAAAGAAAATTTCTACAGATGCGTGAACGAGAC 294	
3039 ATTGAGCGAGATATGCAACTTTTAAAGGGAACATATCTGCAATATGTCTGGGGCGAGAGAC 3098	
295 ATATATGGAACCTATTTTCCAACTATATCTGCAAAAAATGATGATGATTTTAA 354	
3099 ATATATGGAACGATATTTCCCACTATATATCCAAAAATTTGATGAATCCAAATTTAA 3158	
355 CCATATACAGTTATCGATGAAGAGGTTTGTGGGAAGTATGAATTTGAAATTATG 414	
3159 CCGATATACGCTTATCTATGATGAGGGAATTTGTGGGAAGTATGAATTTATG 3218	
415 GTAAACAGTTACGGGAAAGAAATGATGCTATCATGAATGTTCCAAATGATTTGGCCAT 474	
3219 GTAAATGGGTTATGGAAGAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3278	
475 ATGAGGCTAATCTTCAATGT---GGAATATATGCTGTGATCATGCTCAGTATGTG 531	

```

Db      3279 GTACCTTGTATGCGGCTGTGTAGAGATTATATGATGGTCAACAACCGTATCCAAATAGC 3338
Oy      532  AGCCAGGGTATCTTACACCAACAGATGAT-----ATGCTCCGATATATGTCATGC 585
Db      3339 CATGTAGGATATTTATATATCAATGCCAGTTTCTCAGCCCTTCTTACACATCCCATCTTGT 3398
Oy      586  CCGCAAAATATATGATAGAAAGCATGTGAAGTGTACGATCCGATCCATTTGATTTTCAT 645
Db      3399 CAGGTGTAGCCCGGCAAAAACATGTGTATGTCAATGATTCATCAATCAAGTTTCAT 3458
Oy      646  ATTGACACCGAGAGATAGATTAACAATCAATATGATGATATGATGTCTTATTTAAAAAT 705
Db      3459 ATTGATAGGGGAGATGATTTACATCAATCAATATGAGAAATTTGGGTGTGTTTAAAAATC 3518
Oy      706  TCTAATCCAGATGTGATACGCTTACAGTAGGGAATCTAGAAGTCATTGAAAGAACACCTA 765
Db      3519 TCTTACCCGATGTGCTACGCGCATTTAGATTAATTTAGAAGTATTTGAAGAGGAGCAAGTA 3578
Oy      766  ACAAGTGAAGCATTTGGCAGATGTGAACAAAAGAAAAGAAATGGAAACACATGAG 825
Db      3579 AGAGCGAAGCAGTACACATGTATAAACAAGAAAAGAAATGGAATTCAGCAATGTAG 3638
Oy      826  AAAAAACGTGGGAAACACAACAACCTATGATCCAGCAAAACAGGCTGTAGATGCATTA 885
Db      3639 AAAAAAGCCCATGTGAACCAAGGAGTCTATGACGACGAAACAGGCGGTAGATGCATTA 3698
Oy      886  TTTACAAATGAACAAGATTACATATCATATTTACTTTAGATCATATTTCAAAACGCTGAT 945
Db      3699 TTTACAAA--GGAAGAGATTAACTATGATGTTACATTTGTCAACATTTAAGAACCCGAT 3755
Oy      946  CGAGCTGTACAGTCCATTTCCCTATGTATACCAATTTGGTTACCGAATGCTCCAGATATG 1005
Db      3756 GATTGTGACAGTCAATTCATATGTACACAATGAGTGTACCGAATTTTCCAGACATG 3815
Oy      1006 AACTATGATATATCAAGAGTTAAACGCAACCTATCATGCAAGTTATATTTATATATGAT 1065
Db      3816 AACTATGATATATCAAGAGTTAAACGCGCTATCATGCAAGCAACGCTATTTATATCATG 3875
Oy      1066 GCACGAAATGTCTATTAACAATGTGATCTTTACACAAGATTACAGGATGCGACGCAACA 1125
Db      3876 GCACGAAATGTCTATTAACAATGTGAGATTTTGCAACAAGATTACAGGATGCGACGCAACA 3935
Oy      1126 GGAATGCCCGCGGTACACAACAATGATGAGCTTCAATTTAGTTCTATCAAAATTTGAGC 1185
Db      3936 GGAATAAGTAAAGTACAGCAAAATGAACGAAACGTCTGATTTGCTTTCCAAATTTGAGC 3995
Oy      1186 GCGGGGGTATCTCAAAACCTGTGATCTCAAGATCATGATGATGTGTAGTGTGAT 1245
Db      3996 TCTGAGATATCTCAAAACCTTATATGTCACATCCACATGATATCTGTTACGTGTAGT 4055
Oy      1246 GCCAAAAAAGAGACCTGGAAGAGGATATGTACGATGATGATTTGTATGAAAGCAG 1305
Db      4056 GCGAAAAAAGAGAGGCTGGGAAAGGCTATGTACGAGGATGATGTTGTATGTAAGCAG 4115
Oy      1306 GAAACACTTAAGTCACTTTCTTGGCAAGAGATATATGACAAAAACAGTACAGTATTC 1365
Db      4116 GAAACACTTAAGTCACTTTCTTGGCAAGAGATATATGACAAAAACAGTACAGGATATTC 4175
Oy      1366 CCAGAAAGTATCGTGTACGGAATTGAATAGGAGAAACGGAAGTATCATTTATATAGAT 1425
Db      4176 CCAGAAAGTATCGTGTACGGAATTGAATAGGAGAAACGGAAGTTCGTTTATATAGAA 4235
Oy      1426 AGCATGAGTGTCTTTGTATGCAAGATATGATTAACAATATATACCTGCACACGGGTAT 1485
Db      4236 AGCATGAGTGTCTTTGTATGCAAGATATGATTAACAATATATACCAAGATATGATAT 4295
Oy      1486 ATGTATGACAAAGTTATATAGAAATTTATATCAAAATCTAGGAGTGTATTAACAA 1545
Db      4296 ATGTATGATCAAAAGTTATAGTGGAAATATAGTCAGAAATCTAGGATATGTATGATCA 4355
Oy      1546 GG 1547
Db      4356 GG 4357

```

```

RESULT 4
ID      AAN82106
        AAN82106 standard; DNA; 3684 BP.
XX
AC      AAN82106;
XX
DT      25-MAR-2003 (revised)
DT      31-OCT-2002 (revised)
DT      13-NOV-1990 (first entry)
XX
DE      Sequence contig. gene encoding Bacillus thuringiensis 8 protein.
XX
KM      Bt 8 protein; insecticides; mosquitoes; ss.
XX
OS      Bacillus thuringiensis.
XX
FH      Key      Location/Qualifiers
FT      RBS      145..149
FT      CDS      /*tag= b
FT      FT      157..3567
FT      FT      /*tag= a
FT      FT      /label= Bt 8 protein
XX
FN      WO8806631-A.
XX
PD      07-SEP-1988.
XX
PF      03-MAR-1988; 88WO-US000724.
XX
PR      04-MAR-1987; 87US-00021405.
XX
PA      (UNMS ) UNIV MICHIGAN STATE.
PA      (PLAN-) PLANT GENETIC SYST.
XX      (UNMI ) UNIV MICHIGAN.
XX
PI      Vaecck MA, Chungjatup W, McIntosh L;
XX
DR      WPI, 1988-271170/38.
XX      P-PSDB; AAP82314.
XX
PT      Chimeric gene for expression in Cyanobacteria - contig. DNA fragment
PT      coding for insecticidal active protein produced by Bacillus strain.
XX
PS      Disclosure; Page 7; 50pp; English.
XX
CC      This gene is ligated to a promoter region enabling expression in
CC      Cyanobacteria and the resultant chimeric gene is used to produce Bacillus
CC      thuringiensis 8 (Bt 8) protein. A truncated form of the protein can also
CC      be produced using a shorter gene. Transformed cyanobacteria and their
CC      progeny can be used in insecticidal compans., esp, for controlling
CC      mosquitos. (Updated on 31-OCT-2002 to add missing OS field.) (Updated on
CC      25-MAR-2003 to correct PA field.)
XX
SQ      Sequence 3684 BP; 1302 A; 585 C; 693 G; 1103 T; 0 U; 1 Other:
Query Match      46.5%; Score 784.8; DB 1; Length 3684;
Best Local Similarity 72.3%; Pred. No. 1,3e-165;
Matches 1071; Conservative 0; Mismatches 387; Indels 24; Gaps 3;
Oy      1 GTGAGTCTTATGTTTACAGTAGTACGAAAAATACGTTTAAATAATGAAAACGACAGATTAT 60
Db      2113 GTGATGTACAGCTTTTACAAATGACCGGAAGATGATTAACATTTGAAACGACAGATTAT 2172
Oy      61 GAAATAGATCAAGCGGCGCATTTCTATAGATGTATGATGAGAACAAATCCTCAGGAA 120
Db      2173 GACATAGATCAAGCGGCGCAATCTTGTGGAATGATTTTCTGAGAAATTTATTCACAAAGAA 2232
Oy      121 AAAATATGATTATGAGATGAAATAAATACTGCGAAACAACTTATAGTCACTTGTATCTTA 180
Db      2233 AAAATGCTGTTATATGATGAAAGTTAAATAATGCAACAACTTATGATCTCGAAATGTA 2292

```

```

QY 181 CTCGAAATGAGACTTT-----TCGGAATGATGGAATTCGGTATGATATATTC 234
D 2293 CTTCAAAACGGGGATTTTGAATCGGCTACGCTTGGTTGACAAAGATGATATATCA 2352
QY 235 ATAGAGATCCAAATATCTATTTTTTAAAGAAAATTTCTACAGATCGGTGAGCAGAGAC 294
D 2253 ATTGAGAAAGATGATCTTATTTTTTAAAGGGCATTCCTTCATATGTCGGGCGAGAGAC 2412
QY 295 ATATATGGAATCTATTTCCAACTATATCTGTCAAAAATAGATGAGCTTAAATTTAAA 354
D 2413 ATGTATGATGAGATATTTCCAGCTATATTTCCAAAATTTGAAATGAAATTTAAA 2472
QY 355 CCATATACAGCTTATTCGAGTAAGAGGGTTTGGAGAGTAAAGATTTGAAATTTAATG 414
D 2473 CCGTATACAGCTTATCTATGTAAGGGATTTGTAGAAATGATTAAGATGTAAGACTAGT 2532
QY 415 GTAAACAGTTACGGGAAAGAAATTTGATGCTATCATGAATGTTCCAAATGATTTGCCAT 474
D 2533 GTTTCAGGCTATGAGGAAAGAAATTTGATGCTATCATGAATGTTCCAGTATTTAACTAT 2592
QY 475 ATGCAAGCTTATCTTCAATGAGATTAATGCTGTGATATGCTCTCAGTATGTAGC 534
D 2593 CTGTATCTTCTAC-----CTTTGATGTGAGGGGCTTAATGTTGTAGAGC 2640
QY 535 CAAGGATCTCTACACCAACAGATGATATGCTCCGATATGATGATGCTCCGCAAAAT 594
D 2641 TCCGCTGCGCGGCTTAACATTTGGAAACCTTCTGATATGTTGTATTCATGCCAATATAT 2700
QY 595 ATAGATGAAAGATGTAAGTGTCAAGATGTCATCCATTTGATTTTCAATATTTACACC 654
D 2701 ACAGGAAAGAAAGATGTCATGTCAGGATTCCTCATATTTAGTTTCAATATTTGATCA 2760
QY 655 GGAAGATGATATCAAAATGATGATGATGATGCTTATTTAAATTTCTATATCA 714
D 2761 GGGGATTTGATATCAAAATGAAATATAGGGGTTGGGTCATGTTTAAATATCTTCTCA 2820
QY 715 GATGATATCGCTACAGTAGGAAATCTAGAATGATTAAGAAAGACCACTAAGAGTGA 774
D 2821 GATGATATCGCTATCTATGATATTTAGAAATTTAGAAAGGCCCAATAGATGGGAA 2880
QY 775 GCATTTGCAATGTGAAACAAAAGAAAAGAAATGAAACAAACATGAGAGAAAACGT 834
D 2881 GCATGTCACCGGTGAAACACATGAGAAAGAAATGAAACGATCAAAATGAAAGCAAAACGT 2940
QY 835 TGGGAAACAAACAGCTTATGATCCAGCAAAACAGGCTGATGATGATTTATTAAT 894
D 2941 TCGGAAACAAACAGCATATGATGATGAGAAACAGGCAATGATGATTTATTCAAAT 3000
QY 895 GAACAAAG-----GTTACATATCATATTTACTTATGATCAATTTCAAAACGCTGATCGA 948
D 3001 GTACAAAGATGAGGCTTTACATTTGATTCGACATCGCTCAAAATTCATGACCTGATGAT 3060
QY 949 CTGTACAGTGCATTTCCCTATGATATCCATATTTGGTTACCGAATGCTCCAGATGAA 1008
D 3061 TTGGTACATGATTTCCATATGATGATCAATGATTTGTTGATGATGTTCCAGATGAT 3120
QY 1009 TATGATGATATCAAGATTTAAAGCAAGTATCATGCAAGTATTAATTTATATGATCA 1068
D 3121 TATGATATCTATGATGATGATGATGAGAGTGCAGAGGCGCTTATTTGATGATCA 3180
QY 1069 CGAATATGATATCAAAATGATGATTTTACACAGGATTTACAGGATGAGCAACAGAA 1128
D 3181 AGAAATATTTATTTAAATGATGATTTTACACAGGATTTTACAGGATGAGCAACAGAA 3240
QY 1129 AATGCCGCGTACAACAAAATGATGAGCTTCAATTTAGTTCTATCAAAATTTGAGCGG 1188
D 3241 AATGCAAGCTGACAACAAAATGATGATGATTTCTGATTTGATTTCAATTTGAGAGTCT 3300
QY 1189 GGGGATATCTCAAACTTGATGATGCTCAAGATCATATGATATGTTTACGTTGATTTGCC 1248
D 3301 GGGCTATCTCAAAATGTCATCTCCAAATATATATGAGGATGTTCTTACGTTGATTTGCC 3360
QY 1249 AAAAAAGAGAGCTGAAAAAGGATGATGATGATGATGATTTGTAATGAAAGCAGGAA 1308

```

```

D 3361 AAAAAAGAGAGCTGAAAAATGGGATATGTCACGCTTATGATTTGTGAGGAAATCAAGAA 3420
QY 1309 ACATTTAAGTTCACTTCTTTCGAAAGAAAGATATATGCAAAACAGATGAGATTTCCCA 1368
D 3421 AAATTTACGTTTACGTTCTTGTGAAAGAAAGATATATTTACGAAGACATGATGATTTCCA 3480
QY 1369 GAAGATGATGCTGACGATTTGAAATAGGAAACCGAAGTACATTTTATATGATAGC 1428
D 3481 GATACAGATGCTGTCAGAAATTTGAGATAGCGAAACCAAGGTTGCTTTTATATGAAAGC 3540
QY 1429 ATCGAGTTGCTTTGTATGCAAGATATGATATCAATATATAC 1470
D 3541 ATGAAATTAATTTGATGATGAAAGATGATTAATATAAATATAC 3582

RESULT 5
ABK14949
ID ABK14949 standard; DNA; 3684 BP.
XX
AC ABK14949;
XX
DT 29-AUG-2003 (revised)
DT 08-MAY-2002 (first entry)
XX
DE Bacillus thuringiensis var. israelensis toxin (Bt) gene sequence.
XX
KM Toxin; Bt; insecticidal; cyanobacterium; synecocystis 680; endotoxin;
KM mosquito control; glutamine synthetase inhibitor; inoculum; gene; ds.
XX
OS Bacillus thuringiensis serovar israelensis.
XX
FH Key
FH RBS
FT 145..149
FT 145..149
FT /cag= a
FT /standard_name= "Shine-Dalgarno (SD) Sequence"
FT /note= "Consensus ribosome binding site"
FT 157..3567
FT /cag= b
FT /product= "Bacillus thuringiensis toxin (Bt) protein"
FT /tranyl_except= (pos:1708..1710, aa:Ser)
FT /tranyl_except= (pos:2356..2358, aa:Gln)
FT /tranyl_except= (pos:3067..3069, aa:Gln)
XX
XX
XX US6335008-B1.
XX
XX 01-JAN-2002.
XX
XX 18-FEB-1992; 92US-00837625.
XX
XX 04-MAR-1987; 87US-00021405.
XX
XX 13-SEP-1988; 88US-00243798.
XX
XX (UNMS ) UNIV MICHIGAN STATE.
XX
XX Vaack MA, Chungjatupornchai W, McIntosh L;
XX WPI; 2002-163196/21.
XX
XX P-PSDB; AAU76029.
XX
XX Novel chimeric gene expressed in cells of Cyanobacterium for controlling
XX mosquito in water, comprises a DNA fragment comprising promoter region
XX and a DNA fragment containing gene encoding for insecticidal protein.
XX
XX Example 2; Fig 2a; 36p; English.
XX
XX The present invention relates to a new chimeric gene expressed in cells
XX of a Cyanobacterium such as Synecocystis 680. The gene comprises a DNA
XX fragment having a promoter region, for expression of a DNA fragment in
XX the Cyanobacterium, and a fragment coding for an insecticidally active
XX protein endotoxin produced by Bacillus thuringiensis, B. sphaericus or B.
XX kurstaki strain, or for a truncated form of the protein. Cyanobacterium
XX is useful for controlling mosquitoes in water by applying the bacterium

```



PR 29-AUG-2003; 2003US-0498826P.  
 XX (OHIS ) UNIV OHIO STATE RES FOUND.  
 XX Dean DH, Abdullah MA;  
 XX WPI; 2005-417057/42.  
 DR P-PSDB; AEA61391.  
 DR EMBL; X07423.  
 XX  
 PT New modified *Bacillus thuringiensis* insecticidal crystal proteins (i.e.  
 PT Cry4Ba and Cry19a) with enhanced toxicity, useful for reducing or  
 PT eliminating populations of target insects (i.e. mosquitoes) that are  
 PT vectors of disease.  
 XX  
 PS Disclosure; SEQ ID NO 2; 63bp; English.  
 XX  
 CC The present invention relates to modified insecticidal *Bacillus*  
 CC *thuringiensis* crystal proteins Cry4Ba and Cry19a which have enhanced  
 CC toxicity against a variety of insects, e.g. mosquito and lepidoptera.  
 CC The modified proteins are useful for reducing or eliminating populations  
 CC of target insects that are vectors of disease, particularly mosquitoes.  
 CC The present sequence is the coding sequence for the wild-type Cry4Ba  
 CC protein, which can be modified as follows: the amino acid aspartic acid  
 CC at position 454 is substituted with, for example proline, glycine,  
 CC alanine or threonine, and at least two or more additional amino acids are  
 CC inserted after the substitution, where the amino acids inserted after the  
 CC substituted amino acid at position 454 are selected from the combinations  
 CC of alanine and threonine or alanine and valine. In addition, the modified  
 CC Cry4Ba protein may comprise the following substitutions: Thr456 is  
 CC replaced with Ala; Asn578 is replaced with alanine; Asn579 is replaced  
 CC with alanine; Ile580 is replaced with alanine; phenylalanine or tyrosine;  
 CC Ile581 is replaced with alanine or phenylalanine.  
 XX  
 SQ Sequence 3684 BP; 1302 A; 587 C; 692 G; 1103 T; 0 U; 0 Other;  
 Query Match 46.5%; Score 783.2; DB 14; Length 3684;  
 Best Local Similarity 72.2%; Pred. No. 2,9e-165;  
 Matches 1070; Conservative 0; Mismatches 388; Indels 24; Gaps 3;

QY 1 GTGAGTCTATGTTTACAGTAGTAGAATAATCGTTAAATAATGAAACGACAGATTAT 60  
 DB 2113 GTGATGACATGTTTACAAATGACCGGAAGATGCAATTAACATTGGAACGACAGATTAT 2172  
 QY 61 GAAATAGTCAAGCGCCATTCTATAGATGATGTCAGATGAACAAATCTCAGAGAA 120  
 DB 2173 GACATAGTCAAGCGCAAACTTGTGAATGATTTCTGAAAGATTATATCCAAAAGAA 2232  
 QY 121 AAAATATGTTATGGATGAATAAACTGGCAAAACAATTAGTCAGTCTGTAATCTA 180  
 DB 2233 AAAATGCTGTTATAGATGAAGTTAAATGCGAAACAATTAGTCAGTCTGAAATGTA 2292  
 QY 181 CTCGAAAATGAGACTTT-----TCTGGGAATGATTGCAACTTCGTAATGATTAATC 234  
 DB 2293 CTTCAAAAACGGGGATTTTGAATCGCTACGCTGTTGAGCAACAAGTAATATATCA 2352  
 QY 235 ATAGAGTCCATTAATCTTATTTTAAAGGAAATTTCAACAGATCCGAGGACGAGAAC 294  
 DB 2353 ATTCAGAGAAAGTATCTTATTTTAAAGGCAATTAATCTTCAATGCTGCGGGCGAGAAC 2412  
 QY 295 ATATATGGAATCTATTTCCAACTATATCTGTCAAAAATAATAGATGAGTCTAAATTA 354  
 DB 2413 ATTATGTTACGATATTTCCGACCTATATATTTCCAAAATAATGATGATCAAAATTA 2472  
 QY 355 CCATATACAGTTATTCGAGTAAGAGGTTTGTGGAGATGATGAAGATTGAATTAATG 414  
 DB 2473 CCGTATACACGTTACTGTAAGGGGATTTGTAAGAAATGATGAAGATGTAAGTGTG 2532  
 QY 415 GTACAGCTTACGGGAAAGAAATGATGCTATGATGATGATGTCGAAATGATTTGCCAT 474  
 DB 2533 GTTTTCAGCTATGAGGAAAGAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2592  
 QY 475 ATGACAGCTAATCTTCAATGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 534

DB 2593 CTGATCTCTTAC-----CTTGATGTGTAAGGCTTAATCGTTGTGAGACG 2640  
 QY 535 CAAGGATATCTTACACCAACAGATGATATGCTCCCATATGATGATGATGATGATGATGAT 594  
 DB 2641 TCCGCTGTGCGGCTTAACATTTGGGACACTTGTATATGTTATGATGATGATGATGAT 2700  
 QY 595 ATGATATGAAAGCATGTGAAGTGCAGATGCTGATCATCTTATGATTTTCAATGACACC 654  
 DB 2701 ACAGGAAAAGCATGTGCTATGCTAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2760  
 QY 655 GGAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 714  
 DB 2761 GGGGCAATTAATTAATGAAATGAAATGAAATGAAATGAAATGAAATGAAATGAAATGAAAT 2820  
 QY 715 GATGATATGCTTACAGTATGAGGAAATCTGAAATCTGAAATCTGAAATCTGAAATCTGAAAT 774  
 DB 2821 GATGATATGCTTACATTAATGATTAATTTGAAATGAAATGAAATGAAATGAAATGAAATGAAAT 2880  
 QY 775 GCATTGGCACTGTGAAACAAAGGAAAGAAATGAAACAAACATGAGGAAAGAAAGCT 834  
 DB 2881 GCATGTCACCGGTGAAACATGAGAAAGAAATGAAACATGAAATGAAACAAAGCT 2940  
 QY 835 TGGGAAACAAACAGCTATGATTCAGAAACAGGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 894  
 DB 2941 TCGGAAACAAACAGCATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3000  
 QY 895 GAACAAAG-----GTACACTATCATTAATCTTAATCATTAATCTTAATCTTAATCTTAATCT 948  
 DB 3001 GTACAAAGTATGAGGCTTACATTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3060  
 QY 949 CTGAT 1008  
 DB 3061 TTGGTACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3120  
 QY 1009 TATGATGATATCAAGATTAACGACGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1068  
 DB 3121 TATGATATCTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3180  
 QY 1069 CGAAATGCTATCAAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1128  
 DB 3181 AGAAATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 3240  
 QY 1129 AATGCGCGGTATCAACAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1188  
 DB 3241 AATGCAAGCTATCAACAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3300  
 QY 1189 GGGGTATCTCAAACTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1248  
 DB 3301 GCGGTATCTCAAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3360  
 QY 1249 AAAAAGAAAGAACTGGAAGAAAGGATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1308  
 DB 3361 AAAAAGAAAGAACTGGAAGAAAGGATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3420  
 QY 1309 AACTTATGATCACTTCTGCGAAGAAAGATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1368  
 DB 3421 AATTTGACGTTTACGCTTCTGCGAAGAAAGATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3480  
 QY 1369 GAAAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1428  
 DB 3481 GAT 3540  
 QY 1429 ATGAGTTGCTTGTATGCAAGATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1470  
 DB 3541 ATTGAATTAATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3582

RESULT 7  
 AAN92515  
 ID AAN92515 standard; DNA; 4065 BP.  
 XX  
 AC AAN92515;

XX 25-MAR-2003 (revised)  
DT 23-DEC-1990 (revised)  
DT 15-MAY-1990 (first entry)  
XX Sequence of insecticide gene from *Bacillus thuringiensis israeliensis* strain.  
DE Insecticide; diptera larvae; aedes; ss.  
KM Insecticide; diptera larvae; aedes; ss.  
XX *Bacillus thuringiensis*.  
OS *Bacillus thuringiensis*.  
FH Key Location/Qualifiers  
FT CDS 461..3868  
/\*tag= a  
JP01080294-A.  
PN 27-MAR-1989.  
PD 21-SEP-1987; 87JP-00238394.  
PE 21-SEP-1987; 87JP-00238394.  
PR 21-SEP-1987; 87JP-00238394.  
XX (SUMO) SUMITOMO CHEM IND KK.  
PA (MARU-) MARUBENI KK.  
XX WPI; 1989-134798/18.  
DR P-PSDB; AAP93308.  
XX Insecticide protein gene - from *Bacillus thuringiensis israeliensis* strain, used to produce protein toxic to diptera larvae, eg. aedes.  
PT Fig 2; Fig 2-1 to 2-3; 8bp; Japanese.  
XX The protein gene has high insecticide activity to diptera larvae such as aedes. (Updated on 25-MAR-2003 to correct PA field.)  
CC Sequence 4065 bp; 1471 A; 595 C; 752 G; 1247 T; 0 U; 0 Other:  
XX  
SO  
Query Match 46.5%; Score 783.2; DB 1; Length 4065;  
Best Local Similarity 68.1%; Pred. No. 3e-165;  
Matches 1161; Conservative 0; Mismatches 513; Indels 30; Gaps 4;  
QY 1 GTGACTCTATGTTTACAGTAGTACGAAAAATACGTTAAATAAGAAACGACGATTAT 60  
DB 2294 GTGAATGCACTGTTTACAAATGACGGAAGATGATTAACATTTGAAACGACGATTAT 2353  
QY 61 GAAATAGTCAAGCGCCATTCTATAGAAATGATGATGAAACAAATCTCTACGAA 120  
DB 2354 GACATAGTCAAGCGCAAACTTGTGAAATGATTTCTGAAGAAATTATCTCAAAAGAA 2413  
QY 121 AAAATAAATGTTATGGAATGAAATTAATACTGGCAAAACAACTTACGCTCGTATCTA 180  
DB 2414 AAAATGCTGTTATGATGAAATGAAATGCAAACTTATGCTCAATCTGAAATGTA 2473  
QY 181 CTCGAAAAATGAGACTT-----TCGGGAATGATTGACATTCGGTAATGATATATC 234  
DB 2474 CTTCAAAAAGGGGATTTGAAATCGGCTACGCTTGGTGGACAAACAAAGTATATATCA 2533  
QY 225 ATAGATCCAAATATCTTATTTTAAAGAAATTTCTACAGATCGGTGGACACAGAC 294  
DB 2534 ATTCAAGAGATGATCTATTTTAAAGGACATTCCTTCATATGCTGGGGCGAGAGC 2593  
QY 295 ATATATGGAATCTTATTTTCAACATATCTGTCAAAAAATAGATGATCTAAATTTAAA 354  
DB 2594 ATTTGATGATGATATTTTCCGACCTATATCTCAAAAAATGATGAAATCAAAATTTAAA 2653  
QY 355 CCATATACCGTTATCGAGTAAGAGGTTTGTGGAAAGTAAAGTAAATTTGAATTAATG 414  
DB 2654 CCGTATACACGTTACCTAGTAAAGGGAATTTGTAGAAAGTAAAGATGTAGAACTAGTG 2713  
QY 415 GTTAAACGTTACGGGAAAGAAATGTATCTATCAAGATGTTCCAAATGATTTGGCCTAT 474

DB 2714 GTTTCACGCTATGGGGAAGAAATTTGATCCATCATGATGATTTCCAGCGATTAAAGTAT 2773  
QY 475 ATGACGCTTAATCCTTCAATGAGAGATTAATGCTGTGAATATATGCTCAATATGAGC 534  
DB 2774 CTGTATCCTTCTACCTTTGAT-----TGTAAGGGCTTAACTGTTGTAGACG 2821  
QY 535 CAAGGATTCCTTACCAACAGATGATGATGCTCCGATATGATGATGATGATGATGAT 594  
DB 2822 TCCGTGTGCGGCTTAACATTTGGAAACACTCTGTGATGATGATGATGATGATGAT 2881  
QY 595 ATAGATGAAAGCATATGTAAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 654  
DB 2882 ACAGGAAAAAGCATATGCTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2941  
QY 655 GAGAAAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 714  
DB 2942 GGGGCTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3001  
QY 715 GATGATACGCTTACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 774  
DB 3002 GATGATACGCTTACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3061  
QY 775 GCATGCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 834  
DB 3062 GCATGCTACCGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3121  
QY 835 TGGAAACACAAACAGCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 894  
DB 3122 TCGGAAACACAAACAGCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3181  
QY 895 GAAAGAG-----TTACATATCATTTTCTTATGATGATGATGATGATGATGAT 948  
DB 3182 GTACAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3241  
QY 949 CTGATACAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1008  
DB 3242 TTGATACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3301  
QY 1009 TATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1068  
DB 3302 TATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3361  
QY 1069 CGAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1128  
DB 3362 AGAAATATTTAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3421  
QY 1129 AATGCGCGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1188  
DB 3422 AATGCAAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3481  
QY 1189 GGGGATATCAAACTTGCATGCTCAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1248  
DB 3482 GGGGATATCAAAATGCTCATCTCCAAATATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3541  
QY 1249 AAAAAAGGAGCTGGAAGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1308  
DB 3542 AAAAAAGGAGCTGGAAGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3601  
QY 1309 ACATTAAGTCACTCTTGGGAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1368  
DB 3602 AATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3661  
QY 1369 GAAAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1428  
DB 3662 GATACAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3721  
QY 1429 ATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1488  
DB 3722 ATGATTAATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3781  
QY 1489 TATGAGCAAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1548

```
Dh 3782 GGAGAAAGTTTCTTCATGTTTAAATTCGATTTATTATTCGTGACAAAAATA 3841
Qy 1549 TATACAAACACTATAACCAAGACTCTG-----TAAATGATATATCAAAATATATCT 1602
Db 3842 TATGAAAAACATAAAAAATATATCTAGAGACATAAATTTATACAAATATCAATTTTC 3901
Qy 1603 AACATGATGACCTGATCTCCGCTGACATGTAAACCAAGGCGATACCTGCGTGTACA 1662
Db 3902 ATTGATATGAAACGTTTATCCAAATATATATATTCACCATTTAAACTATCCAAACTACAT 3961
Qy 1663 TGTATCAAGATATATACCGTTAA 1686
Db 3962 TGTATCCAGTTATGATGATTTAA 3985

RESULT 8
AAN91003 standard; DNA; 3535 BP.
AAN91003
XX AAN91003;
AC AAN91003;
XX
XX 25-MAR-2003 (revised)
DT 27-JAN-1991 (first entry)
XX
DE Sequence of toxin gene derived from a Bacillus thuringiensis var.
DE israeliensis (B.c.1.) microbe identified as strain HD567.
XX
XX Insecticide; diptera; mosquito; ss.
XX
XX Bacillus thuringiensis.
OS
XX
FH Key location/Qualifiers
FT CDS 1..3411
FT /*tag= a
XX
XX EP308199-A.
XX
XX 22-MAR-1989.
PD
XX 14-SEP-1988; 88EP-00308498.
XX
XX 18-SEP-1987; 87US-00098359.
PR 16-JUN-1988; 88US-00207690.
XX
XX (MYCO ) MYCOGEN CORP.
PA
XX Gillyroy TE;
PI
XX
XX WPI: 1989-087579/12.
DR P-PSDB; AAP93341.
XX
XX Bacillus thuringiensis toxin toxic to dipteran insects - produced by gene
XX isolated from Bacillus thuringiensis var. israeliensis strain.
XX
XX Claim 2; pp 7-10 ; 13pp; English.
XX
XX A toxin active against dipteran insects, having a specified aa sequence
XX or a mutant having the same protein secondary structure or, if the
XX structure is altered, having the same biological activity, is claimed.
XX Also claimed is a DNA molecule including a nucleotide sequence encoding
XX the aa sequence; The novel toxin gene is toxic to dipteran insects e.g.
XX mosquito; (Updated on 25-MAR-2003 to correct PR field.) (Updated on 25-
XX MAR-2003 to correct PA field.)
XX
SQ Sequence 3535 BP; 1247 A; 573 C; 666 G; 1049 T; 0 U; 0 Other;
Query Match 46.4%; Score 781.6; DB 1; Length 3535;
Best Local Similarity 72.1%; Pred. No. 6;6e-165;
Matches 1066; Conservative 0; Mismatches 389; Indels 24; Gaps 3;
Qy 1 GTGAGTCCTATGTTTACAGTAGTACGAAAAATACGTTAAATAAGAAAACGACAGATTAT 60
Db 1957 GTGAATGCACTGTTTACAAATGACGCGAAGATGCAATTAAACATTGGAAACAGAGATTAT 2016
```

```
Qy 61 GAAATAGTCAAGGCCCATTTCTATAGAAATGTATGTCAATGAACAAAAATCCACAGAA 120
Db 2017 GACATTAATCAAGCCGAATCTGTGAAATGTAATTTCTGAAGAAATATATATCAAAAGAA 2076
Qy 121 AAAATTAATGTTATGGATGAAATTAACCTGCAAAACAACTAGTCACTGTAATCTA 180
Db 2077 AAAATGCTGTTATAGATGAAGTTAAATAATGCAAACTTAAGTCAATCTCGAAATGTA 2136
Qy 181 CTCAAAAATGAGACTTT-----TCGGAAATGATGACATTCGGTATGATATATATC 234
Db 2137 CTTCAAAACGGGGATTTTGAATCCGCTACGCTGGTGGACACACAGATGATTAATACCA 2196
Qy 235 ATAGATCAATATATCTATTTTAAAGSAAATTTCTACAGATGCGTGGAGCAGAGAC 294
Db 2197 ATTCAGAGAGATGATCTTATTTTAAAGGCAATTACTTCATATGTTCTGGGGCAGAGAC 2256
Qy 295 ATATATGGAACCTATATTTCCAACTATATCTGTCAAAAAATAGATGAGTCAATTAATA 354
Db 2257 ATTGATGTACGATATTTCCGACCTATATATTCAAAAAATGATGATCAAAATTTAAA 2316
Qy 355 CCATATACAGGTTATCGATGAGGGTTGTGGAAATGTAAGATTGAAATTAAATG 414
Db 2317 CCGTATACAGTTACTTATGTAAGGGGATTTGTAGGAATGTAAGATGTAAGACTAGTG 2376
Qy 415 GTACAGGTTACGGGAAAGAAATTGATGCTATCATGAAATGTTCCAAATGATTTGGCCTAT 474
Db 2377 GTTTCACGCTATGAGGAAGAAATGATGCAATCATGATGATGTTCCAGCTGATTTAACTAT 2436
Qy 475 ATGACGCTATATCTTCATGATGAGATATATCGCTGTAATCATGCTCATGATGTAGC 534
Db 2437 CTGATCTCTTCTAC-----CTTGATTTGTGAAGGCTTATTCGTTGAGACG 2484
Qy 535 CAAGGATATCTTACCAACAAGATGATGCTCCGATATGTAATGCAATGCCGCAAAAT 594
Db 2485 TCCGCTGTCCGCTAACTTGGGAAACATTCGATATGTTGATATCATGCAATATGAT 2544
Qy 595 ATTAGTAGAAAGCATGGAATGTCAGATCGTATCATCTTGAATTTTCAATATGACACC 654
Db 2545 ACAGGAAAAAGCATGTGTAATGTCAGGATTTCCATATATTAATGTTCACTATGATACA 2604
Qy 655 GGAAGATAGATACAAATTAACAATGTAGTATGATGCTCTTAATTAATAATTTCTAATCCA 714
Db 2605 GGGGCACTTAATATCAAAATGAAATATAGGGGTTTGGGTCAATGTTTAAATATCTTCCA 2664
Qy 715 GATGATATACGCTACAGTAGGAATCTAGAAATGCTTGAAGAGACCACTTACAGTGA 774
Db 2665 GATGATATACGCTATCATTAATTAATTTAGAAATGAAAGGGCCAAATGATGGGGAA 2724
Qy 775 GCATTGGCATGATGGAACAAAGGAAGAAATGGAATGGAACAACATGAGGAAGAAAACGT 834
Db 2725 GCATGTCACGCGTGAACCATGGAAGAAATGGAACGATCAAAATGGAAGCAAAACGT 2784
Qy 835 TGGGAAACACAACAGCCTATGATCCAGCAAAACAGGCTGATGATGATTTTACAAAT 894
Db 2785 TCGGAAACACAACAGCATATGATGATGCGAAGAACACACCTTATGCTTTATTCACAAAT 2844
Qy 895 GAAACAGA-----GTTACATATCATATTAATCTTATGATCATATTTCAAAACGCTGATCGA 948
Db 2845 GTACAAAGATAGGCTTATACGTTTGAATACACACTGCTCAAAATTCAGTACGCTGATAT 2904
Qy 949 CTGTTACAGTCATTCCTCTATGTAATCCAAATTTGGTATCCGAATGCTCAGGATGAAAC 1008
Db 2905 TTGGTCAATGCAATTCATATGTTGTAACAAATGATTTGTTGCAAGTTTCCAGGATATAAAT 2964
Qy 1009 TATGATGTATATCAAGATTAAACGACGATATCATGCAAGTTTATATATATGATGCA 1068
Db 2965 TATGATATCTATGTAAGTTGATGATGACAGATGGAACAACGGGTTATTTGTAATGATACA 3024
Qy 1069 CGAAATCATTAACAAATGCTGACTTTTACCAAGATTTACAGGATGCGACGCAACAGGA 1128
Db 3025 AGAAATATTTTAAATGTTGATTTTACACAAAGGGGTATATGGGGTGTGATGTTAACTGGA 3084
```

Oy	1129	AATGCCGGGATACAA	CAAAATGGATGGACCT	CAGATTAGTCTCAT	CAAAATGGAGGCG	1188
Db	3085	AATGAGACGTACAA	CAAAATGATGATGTTCT	GTATGTTCTATCTTA	ATTTGGAGTGCT	3144
Oy	1189	GGGGTATCTCAAA	CTTGSCATGCTCA	AGATCATATGGATAT	GTATGTTTACGCTGATTTGCC	1248
Db	3145	GGCGTATCTCAAA	ATGTCATCTCC	ACATATATCATGGGTAT	GTCTTACGTGTTATTGCC	3204
Oy	1249	AAAAAAGAGGAC	CTGGAAAAAGGTAT	GTAAAGATGATGA	TTGTAAATGAGAACAGGA	1308
Db	3205	AAAAAAGAGGAC	CTGAAATGGGTAT	GTACAGTTATGATGT	GGAGAGAAATCAAGAA	3264
Oy	1309	ACACTTAAGTTCA	CTTTCTTGCGA	AGAGAGATATATG	ACAAAAACATGATGAGCTATTCCCA	1368
Db	3265	AAATTGACGTTT	ACGTTCTTGTA	AGAAAGAGATATATTA	ACGAAGACATGATGATTTCCCA	3324
Oy	1369	GAAAGTATCGT	GTACGGAATTGAA	TATGAGAAACCGA	AGGTACATTATATGATAGC	1428
Db	3325	GATACAGATCG	GTACGAATTGAGAT	TAGGCGAAACCGA	AGGTTGTTTATATGGAAGC	3384
Oy	1429	ATCGAGTTC	TTTGATGCAAG	ATATGATTAACATATTAAC	1470	
Db	3385	ATTGATTAATTT	GCATACGAG	ATGATTAATTA	AAAAAATTACC	3426

RESULT 9	
AAN96139	
ID	AAN96139 standard; DNA; 4184 BP.
XX	
AC	AAN96139;
XX	
DT	27-AUG-2003 (revised)
DT	25-MAR-2003 (revised)
DT	15-MAY-1990 (first entry)
XX	
DE	Bacillus thuringiensis israelis strain toxin.
XX	
KW	Bacillus thuringiensis, israelensis strain; toxin; diptera larvae; aedes.
XX	
OS	Bacillus thuringiensis; israelensis.
XX	
Key	Location/Qualifiers
FH	461. .3867
FT	/*tag= a
FT	/product= "toxin"
XX	
PN	JP01080294-A.
XX	
PD	27-MAR-1989.
XX	
PE	21-SEP-1987; 87JP-00238394.
XX	
PR	21-SEP-1987; 87JP-00238394.
XX	
PA	(SUWO ) SUMITOMO CHEM IND KK.
PA	(MARU-) MARUBENI KK.
XX	
DR	WPI, 1989-134793/18.
DR	P-PSDB; AAP93308.
XX	
PT	Insecticide protein gene - from Bacillus thuringiensis israelensis
XX	
PT	strain, used to produce protein toxic to diptera larvae, eg. aedes.
XX	
PS	Fig 2(1) - 2(3); pages 639-40; 8pp; Japanese.
XX	
CC	The gene is used to produce protein toxic to diptera larvae, e.g. aedes.
CC	(updated on 25-MAR-2003 to correct PF field.) (updated on 25-MAR-2003 to
CC	correct PR field.) (updated on 25-MAR-2003 to correct PA field.) (updated
CC	on 27-AUG-2003 to correct OS field.)
XX	
SQ	Sequence 4184 BP; 1501 A; 627 C; 774 G; 1282 T; 0 U; 0 Other;
Query Match	46.0%; Score 776; DB 1; Length 4184;

Best Local Similarity 68.3%; Pred. No. 1.2e-163;  
Matches 1163; Conservative 0; Mismatches 510; Indels 31; Gaps 5;

Oy	1	GTGAGCTCTTNGTTTACAAGTAGACAAAAATCTTTAAAAATAGAAAGCAGCATAT	60
Db	2414	GTGAATGCACTGTTTACAAATGACGCCAAGATGCATTAAACANTGGACGACGATAT	2473
Oy	61	GAATTAGATCAAGCGGCATTTCTATAGATGTATGTCAATGACAAATCTCCAGAA	120
Db	2474	GACATATGATCAAGCCGAAATCTTGTGGAATGTATTTCTGAAGATATATTCAAAAAGAA	2533
Oy	121	AAATTAATGTTATGGGATGGAATTTAACTGCGAAATAACACTTGTCACTCCGTAATCTA	180
Db	2534	AAATGTCTGTTATTAGAATGAAGTTAAAAATGCGAAACACTTGTCAATCTCGAAATGTA	2593
Oy	181	CTCCAAATGGAGACTT-----TCTGGAAATGATTGACATTCGGTAAATGATATATTC	234
Db	2594	CTTCAAAACGGGATTTTGAATCGCGTACGCTTGTTGGACAAACAATGATTAATATCA	2653
Oy	235	ATAGATTCATAATTCCTATTTTAAAGAAATTTCTACAGATGCGTGACACGAGAC	294
Db	2654	ATTCAAGAAAGATGATCTTATTTTAAAGGCATTAACCTTCAATATGTCTGGGGCGAGAGAC	2713
Oy	295	ATATATGGAATCTATTTTCCAACTTATCTGTCAAAAATATGATGAGCTAAATTTAA	354
Db	2714	ATTGATGTACGAATTTTCCGACTATATATTCMAAAAAATGATGATCAAAATTTAA	2773
Oy	355	CCATATACAGTTATCGATAGAGGGTTGTGGGAAGTAGTAAGATTTGAAATTAATG	414
Db	2774	CCGATATACGTTACTATGTAAGGGGATTTGTAGGAAGTACTAAAGATGTAGACTATG	2833
Oy	415	GTAACAGCTTACGGGAAAGAAATTTGATGCTATCAATGAATGTTCCAAATGATTTGGCTAT	474
Db	2834	GTTTCAGCGTATGGGAAGAAATTTGATGCCATCATGATGTTCCAGCTGATTTAACTAT	2893
Oy	475	ATGCAAGCTTATCTTCAATGTGAGATTAATGCGTGTGAATCATGCTCAATATGTGAC	534
Db	2894	CTGATCTCTTCTACCTTTGAT-----TGTAAAGGCTTAACTGTTTGAACG	2941
Oy	535	CAAGGGTATCTTACACCAACAGATGATGATGCTCCGATATGATGACGCCCAAAAT	594
Db	2942	TCCGCTGTCCGGCTAAACATTTGGGAACAATCTTGATATGTTGATTCATGCCAATATGAT	3001
Oy	595	ATAGATGAAAGCATGTGAAGTGTCAAGATCGTATCATCTATTGATTTCAATTTGACACC	654
Db	3002	ACAGGAAAAAGCATGTGTGATGTCAAGATTTCCATCAATTTAGTTTCACTATTTGATACA	3061
Oy	655	GGAGAATGATACAAATACAAATGTGTGATTTGATGCTTATTTAAAAATTTCTAATCCA	714
Db	3062	GGGGCATTTAGATACAAATGAAAAATATGGGGTTTGAGTTCATGTTAAATATCTTCCCA	3121
Oy	715	GATGATATCGTACAGTAGGGAATCTGAAGTCACTTGAAGAAGACCACTPAACAGTGA	774
Db	3122	GATGATATCGCATATTTAGATTAATTTGAAATATTTGAAGAAGGCCCAATATGATGGGGA	3181
Oy	775	GCATTGGCACAATGTGAACCAAAAGAAAAAGAAATGAAAAACAACATGAGAAAAAAAGT	834
Db	3182	GCACTGTACAGCGTGAACACATGAGAGAAATGGAACGATCAAAATGGAAGCAAAAGCT	3241
Oy	835	TGGGAAACACAACAGCTTATGATCCAGCAAAAACAGGCTGTAGATGCTATTTTACAAAT	894
Db	3242	TCCGAAACACAAACAGCATATGATGTAGCGMAAACGCAATGTGATGCTTATTTACAAAT	3301
Oy	895	GAACAAGG-----TTACACTATCATATTAATCTTTAGATCAATATTTCAAAAACGCTGATCGA	948
Db	3302	GTAACAAGTAGGCTTTTCACTTTGATATGCAACAATCGCTCAAAATTCAGTACGCTGAGAT	3361
Oy	949	CTGGTACAGTGCATTCCTATGATATACCAATATTTGTTACGAAATGCTCCAGATGAAC	1008
Db	3362	TTGGTACATGATTTCCATATGTGTACAATGATTTGGTTGTACAGATGTTCCAGTTATGAAT	3421
Oy	1009	TATGATGATATCAAGATTAAACGACGATCATGCAAGTTATTAATTTATATGATGCA	1068



Dh 4106 GGGCATAGATACAAATGAAATATAGGGGTTTGGGCTTATGTTAAATATCTCCAG 4165  
Qy 716 ATGATATACGCTACAGTAGGAAATCTAGAGATCATTTGAAGAAAGACCACTAACAGGTGAAG 775  
Dh 4166 ATGATATACGCTACATTTAGATATAATTTAGAAAGTAAATGAAAGGCGCAATATAGATGGGGAAG 4225  
Qy 776 CATTGGCAATATGTGAAACAAAGGAAAGAAATGGAACACACTGTGAGAAAGAAACCTT 835  
Dh 4226 CACTGTACGGCGTGAACACATGAGAGAAATGGAACGATCAATATGGAAGCAAAACGTT 4285  
Qy 836 GGGAAACACAAACCAAGCTATGATCCAGCAAAACAGGCTGTAGATCATTTATTTACAAATG 895  
Dh 4286 CGGAAACACAAACCAAGCTATGATGTAGGAAACAGCAATGATCTTTATTTACAAATG 4345  
Qy 896 AACAGAA-----GTTACATATCATATTTACTTTAGATCATATTTCAAAACCGTGTACAC 949  
Dh 4346 TACAAGATGAGGCTTTACAGTTGATGACGACACTCGCTCAATTCAGTACGCTGATAT 4405  
Qy 950 TGGTACAGTCGATTCCTATATGATACCATTAATTTGGTTACCGAATGCTCCAGGTATGAAC 1009  
Dh 4406 TGGTACATTCATTCATATGATATGTAACATGATTTGGTTGTCAAGATGTTCCAGGTATGAAT 4465  
Qy 1010 ATGATATATCAAGATTTAAACGACGATATGCAAGGTTATTAATTTATATGATGAC 1069  
Dh 4466 ATGATATCTATGTAAGTGTGATGACAGATGCGCACAGCGGCTTATTTGTATGATACAA 4525  
Qy 1070 GAAATGTATACAAATGATGATCTTTACACAGATTAACAGGATGCGACGCAAGGAA 1129  
Dh 4526 GAAATATATTAATAAATGATGATTTTACACAGGATATGGGATGCGATGTAACGTAAG 4585  
Qy 1130 ATGCGCGGTACACAAATGATGATGACGCTTCAATTTAGTTTATCAAAATTTGACCGGG 1189  
Dh 4586 ATGCAAGATGACAAATGATGATGATGATTTCTGATTTGATTTCTATCTATGATGATGCTG 4645  
Qy 1190 GGGTATCTCAAAATGATGATGCTCAAGATCATCATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1249  
Dh 4646 GGGTATCTCAAAATGATGATGCTCAAGATCATCATGATGATGATGATGATGATGATGATG 4705  
Qy 1250 AAAAAAGAGACCTGGAAGAAAGGATGTAACGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1309  
Dh 4706 AAAAAAGAGACCTGGAAGAAAGGATGTAACGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 4765  
Qy 1310 CACTTAAGTCACTTCTTCCGAAGAGATATATGACAAACAGTAGAGATTTCCGAG 1369  
Dh 4766 AATTGACCTTTACGCTTGTGAAAGAGATATATGACAGACAGTAGATGATTTCCGAG 4825  
Qy 1370 AAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1429  
Dh 4826 ATACGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 4885  
Qy 1430 TCGAGTTCCTTTGATGCAAGATATGATTAACATATTAAC 1470  
Dh 4886 TTGAATTATTTGATGCAAGAGATATTAATAAATAATAC 4926

RESULT 11  
AA081178 standard; DNA; 3543 BP.

AC AA081178;  
XX 25-MAR-2003 (revised)  
DT 12-AUG-1995 (first entry)  
XX  
DE B.c. toxin PS71M3 gene.  
XX  
KM Delta-endotoxin; crystal protein; biological control agent; Calliphoridae;  
KM screw-worm; sheep blowfly; Lucilia; Phormia; Calliphora; insecticide;  
OS pesticide; B.c.; 89.  
XX Bacillus thuringiensis.  
XX  
FN W09502694-A2.

XX  
PD 26-JAN-1995.  
XX  
PF 13-JUL-1994; 94MO-US007902.  
XX  
PR 15-JUL-1993; 93US-00093199.  
XX  
PA (MYCO) MYCOGEN CORP.  
XX  
PI Hickie LA, Payne J;  
XX  
DR WPI, 1995-067338/09.  
DR P-PBDB; AAR63078.  
XX  
PT Method for controlling Calliphoridae pests - specifically utilises  
PT Bacillus thuringiensis isolates or toxins.  
XX  
PS Disclosure; Page 36-38; 50pp; English.  
XX  
CC A library was constructed from Bacillus thuringiensis PS71M3 total  
CC cellular DNA in lambda Gem-11. Plasmid pMYC1625, selected in Escherichia  
CC coli, contained a 8.0 kb insert expressing a beta-endotoxin gene. This  
CC was sequenced (AA081178). A cured, acrycallyiferous B.c. host carrying  
CC pMYC1625 produced a 130 kDa crystal protein (AAR63078) toxic to  
CC calliphorids. (Updated on 25-MAR-2003 to correct PN field.)  
XX  
SQ Sequence 3543 BP; 1278 A; 566 C; 612 G; 1087 T; 0 U; 0 Other;  
XX  
Query Match 45.3%; Score 763.8; DB 2; Length 3543;  
Best Local Similarity 71.9%; Pred. No. 6,4e-161;  
Matches 1050; Conservative 0; Mismatches 387; Indels 24; Gaps 3;  
Qy 2 TGAGTCTATGTTTACAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 61  
Dh 2090 TTAATACATTTATGCAATCTTAATAAACAATTTCAATTCAGATGATGATGATGATG 2149  
Qy 62 AATATGATCAAGCGGCAATTTCTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 121  
Dh 2150 AATATGATCAAGCGGCAATTTCTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2209  
Qy 122 AATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 181  
Dh 2210 AATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2269  
Qy 182 TCCAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 235  
Dh 2270 TCCAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2329  
Qy 236 TAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 295  
Dh 2330 TCCAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2389  
Qy 296 TATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 355  
Dh 2390 TATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2449  
Qy 356 CATATACAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 415  
Dh 2450 CATATACAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2509  
Qy 416 TAAAGGTTAGGGAAGAAATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 475  
Dh 2510 TTTCAAGCTATGAGGGAAGAAATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2569  
Qy 476 TGCAGCTATGCTCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 535  
Dh 2570 TGTATCTTTTAC-----CTTGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2617  
Qy 536 AAGGATATCTTACACCAACAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 595  
Dh 2618 CCGGTGCGCGCTTAACTTTGGAACACCTTGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2677  
Qy 596 TAGATGAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 655



```

Db      2510 TTTCAAGCTATGGGAGAAATTGATGCAATGAAATGTTCCAGCTGATTTAACTATC 2569
Qy      476 TGCAGCCCTAATCTTCATGAGATTAATGCTGTGAATCAATCGTCTGATGTGAGCC 535
Db      2570 TGTATCTTCTTAC-----CTTGATGTGAAAGGGCTTAATGTTGTGAGAGT 2617
Qy      536 AAGGATCTCAACCAACAGATGATATGCTCCGATATGATCATGCCCCGCAAAATA 595
Db      2618 CCGGTGTCGGGCTTAACATTTGGGAACACTTCGATATGCGATTCATGCCAATATGATA 2677
Qy      596 TAGATAGAAGCATGTGAAGTGCAGATCGATCCATTTGATTTTCAATATGACACCG 655
Db      2678 CAGGAAAAAGCATGCTGATGTGAGATCCCATCAATTTAGTTTCACTATGTACAG 2737
Qy      656 GAGAAGTATGATCAAAATGAGTATGATGTCTTATTAATAAATTTCTAATCCAG 715
Db      2738 GGGCATTTGATTAACAATGAAATATAGGGGTTTGGGTCAATTTTAAATATCTTCCAG 2797
Qy      716 ATGATATCGTACACTAGGGAATCTAGAATCATTTGAAGAAAGAACCACTAACAGTGAAG 775
Db      2798 ATGATATCGATCAATTAATTTAGAAATTTGAAGAAAGGCCAATAGATGGGGAAG 2857
Qy      776 CATTGGCAATGTGAAACAAAGAAATGGAACCAACATGAGAAACAAAGCTT 835
Db      2858 CACTGTACGGGTGAAACATGAGAAAGAAATGGAACGATCAAAATGGAACAAACGTT 2917
Qy      836 GGGAAACACAACAGCCCTATGATCCAGCAAAACAGGCTGTAGATCATTTATTTACAAATG 895
Db      2918 CGGAAACACAACAGCATATGATGAGCAACAGCCATTAATCTTATTTACAAATG 2977
Qy      896 AACAGA-----GTTACATATCATATTAATTGATCATATTTCAAAACGCTGATCAG 949
Db      2978 TACAGAAGAGGCTTTACAGTTTGATGATACGACCTGCTCAATTCAGTACGCTGATAT 3037
Qy      950 TGGTATAGTCCATCCCTATGATATACCAATTTGGTTTACCAATCTCCAGTATGAAGT 1009
Db      3038 TGGTATCAATTCATTCATATGATGTAACAATGATGTTGTCTGAGATGTTCCAGTATGAAT 3097
Qy      1010 ATGATGTATATCAAGATTAACGACGATATCATGCAAGTTATTAATTAATATGATGAC 1069
Db      3098 ATGATCTATATGATAGTTGATGACGAGTGGCAACAGCCGTTATTTGATGATGATACA 3157
Qy      1070 GAAATGTCATACAAATGTTGATTTACACAAAGATTAACAGGATGCGACGCAACAGAA 1129
Db      3158 GAAATATATTAATAAATGATTTTACACAAAGGATATGCGGTGCGATGTAATGGA 3217
Qy      1130 ATGCCCGGTATCAACAAATGATGAGTTCAGTATTTAGTTCTATCAAAATTTGAGCGCG 1189
Db      3218 ATGACAGCTACAAACAAATAGATGATGTTCTGATGTTCTTATCTAATTTGAGATGCTG 3277
Qy      1190 GGGTATCTCAAAATCTTGATGCTCAAGATTCATCATGATATGTTGTTAGCTGATTTGCCA 1249
Db      3278 GCGTATCTCAAAATCTCATCTCCAAACATATCAATGATGTTCTTACGTGTTATTTGCCA 3337
Qy      1250 AAAAAGAGACCTTGAAGAAAGGATGTTAAGCATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1309
Db      3338 AAAAAGAGACCTTGAAGAAAGGATGTTAAGCATGATGATGATGATGATGATGATGATG 3397
Qy      1310 CACTTAATTCGATCTTCTGCGAAGAAAGATATATGCAAAAACATTAAGGATTTCCAG 1369
Db      3398 AATTGACCTTTACGTTCTGTGAAAGAAAGATATATTAACAAAGCAATGATGATTTCCAG 3457
Qy      1370 AAAGTATCGTATCGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1429
Db      3458 ATACGATCGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 3517
Qy      1430 TCGAGTTCCTTTGATGCAAG 1450
Db      3518 TTGAATTAATTTGATGCAAG 3538

```

RESULT 13

```

AAN60055
ID AAN60055 standard; DNA; 10974 BP.
XX
AC AAN60055;
XX
DT 25-MAR-2003 (revised)
DT 07-JUL-1991 (first entry)
XX
DE VB31 clone circular plasmid from Bacillus thuringiensis var. israelensis
DE encoding protein related to bacterial delta endotoxin.
XX
KW Insecticide; microbial; ss.
XX
OS Bacillus thuringiensis.
XX
XX
XX Key Location/Qualifiers
XX FH 2833..2844
XX FT promoter /tag= a
XX FT promoter 2854..2894
XX FT RBS /tag= b
XX FT RBS 2904..2909
XX FT CDS /tag= c
XX FT 2916..6485
XX FT /product= "d
XX FT /product= "toxin"
XX FT /note= "claimed DNA SQ"
XX
XX EP195285-A.
XX PN
XX PD 24-SEP-1986.
XX
XX 27-FEB-1986; 86EP-00102547.
XX PR 28-FEB-1985; 85US-00706836.
XX
XX (UNGE-) UNIV GEORGIA RES FOUND INC.
XX
XX Sekar VS, Carlton BD;
XX DR MPI, 1986-253299/39.
XX PS P-Psdb; AAP60051.
XX
XX Insecticidal protein related to bacterial delta-endotoxin - is obtd. by
XX FT recombinant DNA methods from transform microorganism.
XX PS Disclosure; Fig 7, 69pp; English.
XX
XX The patentore claim a toxic protein having an amino portion identical to
XX CC the amino portion of delta-endotoxin from Bacillus thuringiensis var.
XX CC israelensis and a carboxy-terminus portion different from the carboxy
XX CC portion of the delta-endotoxin. The protein has the toxic properties of
XX CC the delta-endotoxin. Appln. is at 0.2-10 x (10 to the 9) I.U./acre.
XX CC (Updated on 25-MAR-2003 to correct PA field.)
XX
SQ Sequence 10974 BP; 3554 A; 2038 C; 1772 G; 3610 T; 0 U; 0 Other;
Query Match 42.0%; Score 708.2; DB 1; Length 10974;
Best Local Similarity 68.4%; Pred. No. 2.3e-148;
Matches 1081; Conservative 0; Mismatches 468; Indels 32; Gaps 6;
Qy 1 GTGAGTCTATGTTTACAGTAGTACGAAAAATACGTTAAAAATGAAACGACAGATTAT 60
Db 4872 GTGATGACGCTGTTTACAAATGACGCGAAGATGATTAACATTTGGAACGACAGATTAT 4931
Qy 61 GAAATAGTCAAGCGGCATTTCTATAGAAATGTAATGTCAGATGAACAAATCTTCAGGAA 120
Db 4932 GACATAGTCAAGCGCGAAATCTTGTGAAATGTAATTTCTGAAGAAATTTATCCAAAGAA 4991
Qy 121 AAAATTAATGTTATGAGATGAATAAATGACCAAAACCACTTAAGTCACTGTTATCTTA 180
Db 4992 AAAATGCTCTTATTAATGATGAAGTTAAAAATGCAAAACCACTTAAGTCACTGTTATCTTA 5051
Qy 181 CTCCAAAATGAGACTTT-----TCTGGGAATGATTTGACATTCGGTAAATGATATATATC 234

```

Db	5062	CTTCAAAACGGGGATTGGAAATCCGCTACGCTTGTTGGACACAAAGATATATTCACA	5111
Oy	235	ATAGATCAATTAATCTATTTTAAAGAAAAATTCTACAGATGCGTGGACACGAGAC	294
Db	5112	ATTCAAGAAAGATGATCTATTTTAAAGGCATTACCTTCATATGTCTGGGGCCAGAGAC	5171
Oy	295	ATATATGGAACTTATTTTCCAACTTATCTGTCAAAAAATAGATAGCTTAATTTAAA	354
Db	5172	ATTGATGTGAGATATTTTCCGACCTATATATTCAAAAAATTGATGAATCAAAATTTAAA	5231
Oy	355	CCATATACGTTATCGAGTAAAGAGGGTTGGGGAAGATGAATAAGATTGAAATTAATG	414
Db	5232	CCGATACCGTTACTTACGTAAAGGGGAATTGGAGAGATGAAGAATGTAAGACTAGTG	5291
Oy	415	GTAAACAGCTTACGGGAAAGAAATTGATCTATCATGAAATGTTCCAAATGATTTGGCCTAT	474
Db	5292	GTTTACCCCTATGGGGAAAGAAATTAATGCCATCATGAATGTTCCAGCTGATTTAAACATAT	5351
Oy	475	ATGACCGCTAATCCTTCATGTGGAGATTATCGCTGTGAATCATCGTCTCAGTATGTGAGC	534
Db	5352	CTGTATCCTTCTACCTTGAATTGTGA-----AGGGCTATCGTTGTGAGC	5396
Oy	535	CAAGGATATCTTACACCAACAGATGAGATATGTCCTCCGATATGTATGCAATGCCCGAAAT	594
Db	5397	GTCGCGTGTGCGCTACACATTTGGGACACTTGTATGTGTATTCATGCCCAATATGAT	5456
Oy	595	ATAGATGAAAGCATGTGAAGTGTACAGATCGTATCCATTTGATTTTCATATTGACAC	654
Db	5457	ACAGGAAAAAGCATGTGTGTATGTACAGATTCCTCATATTTAGTTTCACTATTTATATCA	5516
Oy	655	GGAGAGATGATACAAATACAAATGTAGTATTTGATGTCTTATTAATAAATTTCTAATCA	714
Db	5517	GGGGCATTAGATACAAATGAAAAATATAGGGGTTTGGGTCAATGTTTAAATATCTTCTCA	5576
Oy	715	GATGATACGCTACAGTAAAGGAATCTTAAGATCATTAAGAAAGGACCATTAACAGTTGAA	774
Db	5577	GATGATATCGCATCTTATGATTAATTTAAGATTAATGAAGAGGCCAAATGATGGGAA	5636
Oy	775	GCATTGGCACATGTGTAACAAAGGAAAAATGGAACAACATGGAAGAAAAAGT	834
Db	5637	GCACTGTACACGGGTGTAACACATGGAGAAAGAAATGAAACGATCAATGGAAGCAAAAGCT	5686
Oy	835	TGGGAAACACAACAGCCTATGATTCAGCAAAAACAGCGCTGATGATGCTTATTTACAAT	894
Db	5697	TCGGAAACACAACAGCATATGATGTGACGAAACAAGCATTTGATGCTTTATTTACAAT	5756
Oy	895	GAAACAAG-----GTTACACTATATATTTACTTTAGATTCATATTTCAAAACGCTGATGCA	948
Db	5757	GTACAAAGTGAAGCTTTTACAGTTGATTCGACACTCGCTCAAAATTCAGTACGCTGAGTAT	5816
Oy	949	CTGGTACAGTGGATTCCCTATGTATACATATTTGTTACCGAATGCTCCAGGTATGAC	1008
Db	5817	TTGGTACATGATTCATATGTGTACATATGATTTGTTGTACAGATGTTCCAGATGTGAT	5876
Oy	1009	TATGATGATATCAAGAGTTAAACGACGATATCATGCAAGGTTATATTTATATGATGCA	1068
Db	5877	TATGATATCTATGTAGATTTGGATGTCACAGATGGCACAAAGGCGCTATTTGTATGATACA	5936
Oy	1069	CGAAATGCTATACAAATGTTGACTTTTACACAGAGATTAACAGGATGGCACGCAACAGGA	1128
Db	5937	AGAAATATATTAATAAAATGTTGATTTTACACAAGAGGGTAAATGGGGTGCATGTAATCGGA	5996
Oy	1129	AATGCGCGGTGACAACAAAATGGAATGGAGCTTCAGTATTAAGTTCTATCAAAATTTGAGCGCG	1188
Db	5997	AATGACAGCTGACAACAAAATGATGTGTCTGTATGTGTTCTATCTTAATTTGAGGTCT	6056
Oy	1189	GGGGTATCTCAAACTTGCAATGCTCAAGATCATCATGATATGTGTTACGTTGATTTGCC	1248
Db	6057	GGCGATCTCAAAATGTCATCTCCAACTATATCATATGGGTATGTCTTACGTTATTTGCC	6116
Oy	1249	AAAAAGAGGACCTGAAAAGGGTATGTAAACGATGATGATTTGTAAATG-GAAGCAGGA	1307

Db	6117	AAAAAAGAAGCACTGGAAATGGGTATGTACAGTTATGTGATTTGTGAGAAATCAAGA	6117S
Oy	1308	AACACTTAAGTTCACCTTCTTGCGAAGAAGATATATGACAAAACAGTAAGGTATTC	1367
Db	6176	AAAATATGACGTTTACGCTTGTTGTGMAAGAAGATATATATACAAAGACAGTATGATTC	6235
Oy	1368	AGAAAGATATCGT---ACGGATTGAAATATGAGAAACCGAAGGTACATTTATATAGA	1424
Db	6236	AGATACAGCAATTCGTGCAGAAATGTGAAGGGAACGGAAGTTGTTTTATATCGA	6295
Oy	1425	TAGCATGAGATGTTGTTGTATGCAAGATATGATACATATATACCTGCACAGGGTAA	1484
Db	6296	AAGCATTTGAATTAATTTGCATGACAGATGATTAATATAAAAATACCTAAAGCTTATTA	6355
Oy	1485	TATGTATGAGCAAGATTATATATGAAATTTAAATCAAAATACAGCATGTATATCA	1544
Db	6356	ACACTGGAGAAAGTTTCTCCATCGTTTATTAATTTTCGATTTATTAATTTCTGTACAA	6415
Oy	1545	AGGTTATTCAAACACACTATTA	1565
Db	6416	AAAATATATATGAAAAACATATA	6436
RESULT 14			
AA	93059		
ID	AA	93059	standard; DNA; 4571 BP.
AC	AA	93059;	
XX	27-AUG-2003	(revised)	
DT	25-MAR-2003	(revised)	
DT	30-MAY-1990	(first entry)	
XX	Delta-endotoxin crystal protein gene.		
XX	Delta-endotoxin; crystal protein; insecticide; pch130; ss;		
KM	biological control agent.		
XX	Bacillus thuringiensis; israelensis.		
OS	Bacillus thuringiensis; israelensis.		
XX	Key	Location/Qualifiers	
FH	RBS	879..884	
FT		/*tag= b	
FT		/label= Shine-Dalgarno sequence.	
FT	misc_feature	891..4430	
FT		/*tag= a	
FT		/product= "delta-endotoxin crystal protein"	
XX	EP296870-A.		
XX	28-DEC-1988.		
XX	24-JUN-1988;	88EP-00305772.	
XX	26-JUN-1987;	87US-00067653.	
XX	(DUPO ) DU PONT DE NEMOURS & CO E. I.		
XX	Ellar DJ, Ward ES;		
XX	WPI; 1989-001322/01.		
XX	P-PSDB; AAP93715.		
XX	DNA fragment encoding insecticidal protein - obt'd. from Bacillus		
XX	thuringiensis sub species israelensis, and used in microorganisms and		
XX	plant cells.		
XX	Disclosure; Fig 7; 26pp; English.		
XX	The sequence encodes the 130 kDa delta-endotoxin gene from B.		
XX	thuringiensis subsp. israelensis and is a 4.46 kb insert of pch130. The		
XX	delta endotoxin protein is insecticidal and can be used to control insect		
XX	pests esp. mosquitos. See also AA93054. (Updated on 25-MAR-2003 to		
XX	CC		

CC correct PA field.) (Updated on 27-AUG-2003 to correct OS field.)  
 XX Sequence 4571 BP; 1678 A; 685 C; 817 G; 1391 T; 0 U; 0 Other;  
 SQ Query Match 37.8%; Score 637.8; DB 1; Length 4571;  
 Best Local Similarity 66.2%; Pred. No. 1,1e-133;  
 Matches 1060; Conservative 0; Mismatches 397; Indels 144; Gaps 4;

QY 2 TGAGTCCTATGTTTCAAGTAGTACGAAAAATACGTTAAAAATAGAACGACAGATTATG 61  
 DB TTAATACATTTTATGCAATCCTATTAATAAACACTTTTCAATCAGAACCTTACAGATTATG 3039  
 QY 62 AAATGATCAACGGCCATTTCTATAGAAATGATGTCAGATGAAACAAAATCTCGAGAA 121  
 DB ACATAGATCAACGCCCAATCTTGGAATGATTTCTGAAGAAATTAATCCAAAGAA 3099  
 QY 122 AAATATGTTTATGGGATGAAATAAACCTGGCAAAACCTTAGTACGTCTGTAATCTAC 181  
 DB AAATGCTTTTATAGATTAAGTTAAATGCGAAACCACTTAGTCAATCTGAAATGTA 3159  
 QY 182 TCCAAATGAGAGCTTT-----TCTGGAAATGATTGACATTCGTAATGATATTATCA 235  
 DB TTCAAAAGGGGATTTGATAGGCTACGCTTGTTGGCAACAAGTGATATATACAA 3219  
 QY 236 TAGGATCCATTAATCTTATTTTAAAGGAAATTTCTACAGATGCGTGAGACAGACA 295  
 DB TTCAAGAGATGATCTCTATTTTAAAGGCAATACCTTATATGTCGCGGAGAGACA 3279  
 QY 296 TATATGGAACCTCTATTTCCAACTTATCTGTCAAAAAATAGATAGCTAAATTAAC 355  
 DB TTGATGATACATATTTCCGACTATATATTCMAAAATGATGATAATCAAAATTAAC 3339  
 QY 356 CATATACAGTTATCGATTAAGAGGTTTGTGGAAAGTAGTAAAGATTGAATTAATG 415  
 DB CGTATACAGTTATCCTAGTAAGGGATTTGTAGGAAGTAGTAAGTAGAAGCAAGTGG 3399  
 QY 416 TAAACGTTACGGGAAAGAAATGATGTCATCATGAATGTTCCAAATGATTTGGCTATA 475  
 DB TTTCAAGCTATGGGAAATAATGATGTCATCAATGTTCCACCTGATTTAAACCTATC 3459  
 QY 476 TGCAGCCTATCCTTCATGTGGAATTAATCGCTGAAATCAATCGTCAATGATGAGCC 535  
 DB TGTATCTTTTAC-----CTTTGATTTGAAAGGCTTAAATGCTTTGTGAGAGCT 3507  
 QY 536 AAGGATATCTTACACCAACAGATGATATGCTCCGATATGATGATGATGCCGCAAAATA 595  
 DB CGGTGTGCGGCTTAACATTTGGGAACACTTGTGATATGTTGATTCATGCCAATATGATA 3567  
 QY 596 TAGATGAAGCATGTGAAGTGTCAAGATCGTCAATTCATTTTATTTATGACACCG 655  
 DB CAGGGAAGAGCATGTCTATGTGTCAGATTTCCATCAATTTAGTTTCACTATGATAGACG 3627  
 QY 656 GAGAGATGATTAACAATAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 715  
 DB GGGCTTATGATTAACAATAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 3687  
 QY 716 ATGATACGCTTACAGTAGGGAATCTAGAGT----- 746  
 DB ATGATACGCTTACATTTAGATTAATTTAGAAATTAATGAAAGAGGCAATATGATGGGAAG 3747  
 QY 747 ----- 746  
 DB CACTGTACGCGTGAACAACATGAGAAAGAAATGGAAGCATCAATGGAAGCAAAACGTT 3807  
 QY 747 -----CATGGAAGAGCAACCTAACAGGTGAAG 775  
 DB CGGAAACACAAACAGCATATGATGTAACGAAATTTGAGAGGCCAATATGATGGGGAAG 3867  
 QY 776 CATTTGCAATGTGAACAACAAGAAAGAAATGGAACAACATGAGAAAGAAACGTT 835  
 DB CACTGTACGCGTGAACAACATGGAAGAAATGGAAGCATCAATATGGAAGCAAAACGTT 3927  
 QY 836 GGGAAACACAAACAGCTATGATCCAGCAAAACAGGCTGTAGATGATTTATTTACAAATG 895

DB 3928 CGAAGAACACAAACAGCATATGATGAGGAACAAAGCAATGATGCTTTATTCACAAATG 3987  
 QY 896 AACAGAG-----TTACATATCATATTTACTTTAGATCATATTTCAAAACGCTGATGAC 949  
 DB TACAAGATGAGGCTTTACAGTTTATGATACGACATCGCTCAATTCAGATGCTGATAT 4047  
 QY 950 TGTATACGTGATTTCCCTATGATATACCAATTTGGTTACCGAATGCTCCAGATGAAGCT 1009  
 DB TGTATACATTCATTCATCATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 4107  
 QY 1010 ATGATGATATCAAGAGTTAAACGAGTATCATGCAAGGTTATTAATTTATATATGATGAC 1069  
 DB ATGATATATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 4167  
 QY 1070 GAAATGTCATTAACAATGATGATCTTTTACCAAGATTTACAGGATGCGCAACAGGA 1129  
 DB GAATATATTTTAAATATGATGATTTTACCAAGGGGTAATGGGGTGCATGTAATCTGAA 4227  
 QY 1130 ATGCGCGGTACCAACAATGATGAGCTTCAGATTTTATGTTCTATCAATTTGAGCGCG 1189  
 DB ATGCAAGCTACCAACAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 4287  
 QY 1190 GGTATCTCAAAACCTTGATGCTCAAGATCAATCAATGATGATGATGATGATGATGATG 1249  
 DB GGTATCTCAAAACCTTGATGCTCAATCAATCAATGATGATGATGATGATGATGATGAT 4347  
 QY 1250 AAAAAAGAGACTGGAAGAGGATATGTAATGTAATGTAATGTAATGTAATGTAATGTA 1309  
 DB AAAAAAGAGACTGGAAGAGGATATGTAATGTAATGTAATGTAATGTAATGTAATGTA 4407  
 QY 1310 CACTTAAGTCACTTTTTCGAAAGAGATATATGACAAAACAGTAGAGTATTTCCAG 1369  
 DB AATGACGTTTACGCTTGTGAAGAGATATATATACCAAGCAGTATGATATTTCCAG 4467  
 QY 1370 AAAGTACGCTGTCGGAATGGAATGGAAGAAACCGAAGTACATTTTATATGATAGCA 1429  
 DB ATACAGATGCTGTCGGAATGGAATGGAAGAAACCGAAGTTCGTTTATATCGAAAGCA 4527  
 QY 1430 TCGAGTTGCTTTGATGCAAGATATGATTAACAATTAATAC 1470  
 DB TTTGATTTAATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 4568

RESULT 15  
 AAN93054  
 ID AAN93054 standard; DNA; 3940 BP.  
 XX  
 AC AAN93054;  
 XX  
 DT 27-AUG-2003 (revised)  
 DT 25-MAR-2003 (revised)  
 DT 30-MAY-1990 (first entry)  
 XX  
 DE Delta-endotoxin crystal protein gene.  
 XX  
 KW Delta-endotoxin; crystal protein; insecticide; ss; pCC130;  
 KW biological control agent.  
 XX  
 OS Bacillus thuringiensis; israelensis.  
 XX  
 FH Key Location/Qualifiers  
 FT RBS 879..884  
 FT /\*tag= b  
 FT /\*label= Shine-Delgarno sequence  
 FT /\*tag= a  
 FT /\*product= "delta-endotoxin"  
 PD EP296870-A.  
 XX 28-DEC-1988.

PF 24-JUN-1988; 88EP-00305772.  
 XX 26-JUN-1987; 87US-00067653.  
 XX (DUPO) DU PONT DE NEMOURS & CO E. I.  
 PA Eliar DJ, Ward ES;  
 PI WPI; 1989-001322/01.  
 DR P-PSDB; MAP94035.  
 XX  
 XX DNA fragment encoding insecticidal protein - obcd, from *Bacillus*  
 PT *thuringiensis* sub species *israelensis*, and used in microorganisms and  
 PT plant cells.  
 PS Disclosure; Fig 5; 26pp; English.  
 XX  
 CC The nucleotide sequence is an insert in plasmid pCC130. The delta  
 CC endotoxin protein is insecticidal and can be used to control insect pests  
 CC esp. mosquitoes. See also AAN93059. (Updated on 25-MAR-2003 to correct PA  
 CC field.) (Updated on 27-AUG-2003 to correct OS field.)  
 CC  
 XX Sequence 3940 BP; 1457 A; 603 C; 659 G; 1221 T; 0 U; 0 Other;  
 SQ  
 Query Match 26.6%; Score 448.6; DB 1; Length 3940;  
 Best Local Similarity 68.9%; Pred. No. 2.3e-90;  
 Matches 670; Conservative 0; Mismatches 279; Indels 24; Gaps 3;  
 QY 2 TGAAGTCTTATGTTTCAAGTACGAAAAATACGTTAAATAGAAACGACGATTATG 61  
 DB 2380 TTAATACATTTTATGCAAAATCTATAAAAACACTTACAACTACAGATTATG 3039  
 QY 62 AAATGATCAAGCGGCGCTTCTATAGAAATGATGTCAGATGAACAAATCCTCAGGAA 121  
 DB 3040 ACATGATCAAGCGGCGAAATCTTGAGATGATTTCTGAAGAAATATATCCAAAGAA 3099  
 QY 122 AAATATGTTATGGGATGAATAAACTGCAAAACAACTTAGTCAGTCTGTAATCTAC 181  
 DB 3100 AAATGCTGTTATGATGAAATGAAAAATGCAAACTTAGTCAATCTGAAATGTAC 3159  
 QY 182 TCCAAAATGAGACTTT-----TCTGGGAATGATGAGACATTCGGTAATGATATTATCA 235  
 DB 3160 TTCAAAACGGGGAATTTGAAATCGGCTACGCTTGGTTGGACAAAGTATATATACAA 3219  
 QY 236 TAGGATCCAAATTAATCTATTTTAAAGAAATTTCTACAGATGCTGAGACAGAGACA 295  
 DB 3220 TTCAGAAAGATGATCTATTTTAAAGGCAATTAACCTTCAATATGCTGGGCGAGAGACA 3279  
 QY 296 TATATGGAATCTATTTTCAACCTATATCTGTCAAAAAAATAGATGATCTAAATTAAC 355  
 DB 3280 TTGATGATGATGATTTTCCGATATATTCGAAAAATGATGAAATCAAAATTAAC 3339  
 QY 356 CATATACGTTATGAGTAAGAGGTTTGTGGAGATGATTAAGATTGAATTAATGG 415  
 DB 3340 CGTATACACGTTACTAGTAAGGGAATTTGTAGGAAGATGATGAACACTAGTGG 3399  
 QY 416 TAAACGTTACGGGAAAGAAATGATGCTATCATGAATGTCGAAATGATTTGGCTATA 475  
 DB 3400 TTTACGCTATGGGGAAGAAATGATGCTATCATGAATGATGTCGAGCTGATTTAACTATC 3459  
 QY 476 TGACGCTTAATCTTCAATGTGAGATTAATCGCTGTAATCATGCTCAGTATGTAGACC 535  
 DB 3460 TGTATCTTCTTACTTTGAT-----TGTGAAGGCTTAATGCTTGTGTAGAGCT 3507  
 QY 536 AAGGGTATCTTACACCAACAGATGATATGCTCCGATATGATGATGATGATGATGATG 595  
 DB 3508 CCGCTGTGCGGCTTAATGATGAGAACTTCTGATATGTTGATATTCAGCCAAATATGATA 3567  
 QY 596 TAGATAGAAAGCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 655  
 DB 3568 CAGGGAAGAAAGCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 3627  
 QY 656 GAGAGATGATATCAAAATGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 715

DB 3628 GGGCATTAGATACAAATGAAATATAGGGGTTTGGTCAATGTTAAATATCTTCTCCAG 3687  
 QY 716 ATGATACGCTTACGATGAGGAAATCTAGAGTCAATTTGAAGAGACCACTAACAGTGAAG 775  
 DB 3688 ATGATACGCTTACGATGAGGAAATCTAGAGTCAATTTGAAGAGGCGCAATGATGAGGAAAG 3747  
 QY 776 CATTGGCAATGTGAACAAAGAAAGAAATGGAACAACACATGAGAGAAAAAGCTT 835  
 DB 3748 CACTGTCAAGGCTTAAACACATGAGAAAGAAATGAAACGATCAATGAGACAAAAGCTT 3807  
 QY 836 GGAAGACAAACAGCTTATGATCAGCAAAACAGGCTGTAGATGATTAATTTAACAATG 895  
 DB 3808 CGGAAACAAACAGCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 3867  
 QY 896 AACAGA-----GTTACATATATATTTACTTTAGATCATATTTCAAAACGCTGATGAC 949  
 DB 3868 TACAGATGAGGCTTTACAGTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 3927  
 QY 950 TGTACAGTGCAT 962  
 DB 3928 TGTACATGAT 3940

Search completed: February 15, 2006, 03:49:03  
 Job time : 1069 secs

GenCore version 5.1.7  
Copyright (c) 1993 - 2006 Bioacceleration Ltd.

## OM nucleic - nucleic search, using sw model

Run on: February 15, 2006, 03:49:14 ; Search time 1453 Seconds  
(without alignment)  
9595.438 Million cell updates/sec

Title: US-10-781-979-6

Perfect score: 1686  
Sequence: 1 gtgagctcctatgcgttcaaga.....atcaagatataaccgttaa 1686

Scoring table: IDENTITY NUC

Gapop 10.0 , Gapext 1.0

Searched: 9793542 seqs, 4134689005 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters: 19587084

Minimum DB seq length: 0

Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%

Maximum Match 100%

Listing first 45 summaries

Database : Published Applications NA Main:\*

1: /cgn2\_6/ptodata/1/pubpna/US07\_PUBCOMB.seq:\*  
2: /cgn2\_6/ptodata/1/pubpna/US08\_PUBCOMB.seq:\*  
3: /cgn2\_6/ptodata/1/pubpna/US09\_PUBCOMB.seq:\*  
4: /cgn2\_6/ptodata/1/pubpna/US09B\_PUBCOMB.seq:\*  
5: /cgn2\_6/ptodata/1/pubpna/US10\_PUBCOMB.seq:\*  
6: /cgn2\_6/ptodata/1/pubpna/US10B\_PUBCOMB.seq:\*  
7: /cgn2\_6/ptodata/1/pubpna/US10C\_PUBCOMB.seq:\*  
8: /cgn2\_6/ptodata/1/pubpna/US10D\_PUBCOMB.seq:\*  
9: /cgn2\_6/ptodata/1/pubpna/US10E\_PUBCOMB.seq:\*  
10: /cgn2\_6/ptodata/1/pubpna/US11\_PUBCOMB.seq:\*

Prod. No. is the number of results predicted by chance to have a  
score greater than or equal to the score of the result being printed,  
and is derived by analysis of the total score distribution.

## SUMMARIES

Result No.	Score	Query Match	Length	ID	Description
1	1686	100.0	1686	8 US-10-781-979-6	Sequence 6, Appl1
2	1686	100.0	5980	8 US-10-781-979-1	Sequence 1, Appl1
3	914.8	54.3	4391	9 US-10-929-754-4	Sequence 4, Appl1
4	783.2	46.5	3684	9 US-10-929-754-2	Sequence 2, Appl1
5	384.2	22.8	4359	5 US-10-120-544A-3	Sequence 3, Appl1
6	384.2	22.8	4359	10 US-11-091-654-3	Sequence 3, Appl1
7	379	22.5	3504	5 US-10-089-678-2	Sequence 2, Appl1
8	379	22.5	3504	5 US-10-089-678-2	Sequence 2, Appl1
9	313	18.6	4896	6 US-09-756-526A-3	Sequence 3, Appl1
10	313	18.6	4896	6 US-10-345-020-3	Sequence 3, Appl1
11	313	18.6	4896	6 US-10-342-821-3	Sequence 3, Appl1
12	312.8	18.6	4366	5 US-10-120-544A-19	Sequence 19, Appl1
13	312.8	18.6	4366	5 US-11-091-654-19	Sequence 19, Appl1
14	306.4	18.2	4359	5 US-10-120-544A-17	Sequence 17, Appl1
15	306.4	18.2	4359	10 US-11-091-654-17	Sequence 17, Appl1
16	302.6	17.9	3621	5 US-10-032-717-1	Sequence 1, Appl1
17	302.6	17.9	3621	6 US-10-414-637-1	Sequence 1, Appl1
18	302.6	17.9	3621	7 US-10-606-320-1	Sequence 1, Appl1
19	302.6	17.9	3621	8 US-10-746-914-1	Sequence 1, Appl1
20	302.6	17.9	3621	10 US-11-021-115-5	Sequence 5, Appl1
21	302.6	17.9	3633	6 US-10-032-717-3	Sequence 3, Appl1
22	302.6	17.9	3633	6 US-10-414-637-3	Sequence 3, Appl1
23	302.6	17.9	3633	7 US-10-606-320-3	Sequence 3, Appl1

24	302.6	17.9	3633	8 US-10-746-914-3	Sequence 3, Appl1
25	302.6	17.9	4874	5 US-10-032-717-27	Sequence 27, Appl1
26	302.6	17.9	4874	6 US-10-414-637-27	Sequence 27, Appl1
27	302.6	17.9	4874	7 US-10-606-320-17	Sequence 17, Appl1
28	302.6	17.9	4874	8 US-10-746-914-17	Sequence 17, Appl1
29	302.6	17.9	6613	5 US-10-032-717-28	Sequence 28, Appl1
30	302.6	17.9	6613	6 US-10-414-637-28	Sequence 28, Appl1
31	302.6	17.9	6613	7 US-10-606-320-18	Sequence 18, Appl1
32	302.6	17.9	6613	8 US-10-746-914-18	Sequence 18, Appl1
33	302.4	17.9	4188	5 US-10-120-544A-5	Sequence 5, Appl1
34	302.4	17.9	4188	10 US-11-091-654-5	Sequence 5, Appl1
35	299.2	17.7	6930	3 US-09-756-526A-1	Sequence 1, Appl1
36	299.2	17.7	6930	6 US-10-345-020-1	Sequence 1, Appl1
37	299.2	17.7	6930	6 US-10-342-821-1	Sequence 1, Appl1
38	275.2	16.3	3465	10 US-11-018-615-26	Sequence 26, Appl1
39	271.8	16.1	3507	7 US-10-614-524-3	Sequence 3, Appl1
40	269.6	16.0	3453	5 US-10-099-285-75	Sequence 75, Appl1
41	269	16.0	4344	9 US-10-687-879A-4	Sequence 4, Appl1
42	268.8	15.9	3471	5 US-10-099-285-73	Sequence 73, Appl1
43	268.8	15.9	3471	6 US-10-428-961-27	Sequence 27, Appl1
44	265.8	15.8	3504	6 US-10-428-961-39	Sequence 39, Appl1
45	262.4	15.6	3459	7 US-10-614-524-5	Sequence 5, Appl1

## ALIGNMENTS

```
RESULT 1
US-10-781-979-6
; Sequence 6, Application US/10781979
; Publication No. US20040250311A1
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Carozzi, Nadine
; APPLICANT: Hargiss, Tracy
; APPLICANT: Koziel, Michael G.
; APPLICANT: Duck, Nicholas B.
; APPLICANT: Carr, Brian
; TITLE OF INVENTION: AKXI-008, A Delta-Endotoxin Gene and
; TITLE OF INVENTION: Methods for Its Use
; FILE REFERENCE: 045600/274147
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/781,979
; CURRENT FILING DATE: 2004-02-20
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/448,797
; PRIOR FILING DATE: 2003-02-20
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 28
; SOFTWARE: FastSeq for Windows Version 4.0
; SEQ ID NO 6
; LENGTH: 1686
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Bacillus churingiensis
; FEATURE:
; NAME/KEY: CDS
; LOCATION: (1)...(1686)
US-10-781-979-6
Query Match 100.0%; Score 1686; DB 8; Length 1686;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 0;
Matches 1686; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;
QY 1 GTGAGTCCATGTTTACAGTAGTACGAAATAGCTTAAATGAAACGACAGATT 60
11111111111111111111111111111111111111111111111111111
Db 1 GTGAGTCCATGTTTACAGTAGTACGAAATAGCTTAAATGAAACGACAGATT 60
61 GAAATGATCAAGCGCCATTCTATAGATGTATGTGATGAACAAATCTCAGAA 120
11111111111111111111111111111111111111111111111111111
QY 121 AAAATGATGTTTGGATGAAATTAATCTGCAAAACAACTTAGTCAGTCTGTAATCT 180
11111111111111111111111111111111111111111111111111111
Db 121 AAAATGATGTTTGGATGAAATTAATCTGCAAAACAACTTAGTCAGTCTGTAATCT 180
11111111111111111111111111111111111111111111111111111
QY 181 CTCGAAATGAGACCTTTCTCGGAATGTTGGAATTCGATGATGATTAATCAGGA 240
11111111111111111111111111111111111111111111111111111
```

Db 181 CTCCAAAATGAGACTTTCTGGGAATGATTCGATTCGTAATGATATATCATAGGA 240  
Qy 241 TCCAAATATCCATATTTTAAAGAAAAATTTCTACAGATGCGTGGAGCACAGACATATAT 300  
Db 241 TCCAAATATCCATATTTTAAAGAAAAATTTCTACAGATGCGTGGAGCACAGACATATAT 300  
Qy 301 GGAATCTATTTTCCAACTATATCTGTCAAAAAATAGATGAGTCAAAATTTAAACCATAT 360  
Db 301 GGAATCTATTTTCCAACTATATCTGTCAAAAAATAGATGAGTCAAAATTTAAACCATAT 360  
Qy 361 ACACGTTATCGAGTAAGAGGGTTGTGGAGAGTAAAGATTGAATTTAAATGTTAAACA 420  
Db 361 ACACGTTATCGAGTAAGAGGGTTGTGGAGAGTAAAGATTGAATTTAAATGTTAAACA 420  
Qy 421 CGTTACGGGAAAAAATTTGATGCTATCATGAAATGTTCCAAATGATTTGGCCCTATATGAG 480  
Db 421 CGTTACGGGAAAAAATTTGATGCTATCATGAAATGTTCCAAATGATTTGGCCCTATATGAG 480  
Qy 481 CCTAATCCCTTCAATGAGAGATTTATCGCTGTGAATCATGCTCAATATGTGAGCCAAAGG 540  
Db 481 CCTAATCCCTTCAATGAGAGATTTATCGCTGTGAATCATGCTCAATATGTGAGCCAAAGG 540  
Qy 541 TATCCTTACACCAACAGATGATGATGCTCCGATATGTAAGCATGCGCCCAAAATATAGAT 600  
Db 541 TATCCTTACACCAACAGATGATGATGCTCCGATATGTAAGCATGCGCCCAAAATATAGAT 600  
Qy 601 AGAAAGCATGTGAAGTGTCAAGATGCTCATCTTGAATTTTCAATTTTGAACCCGAGAA 660  
Db 601 AGAAAGCATGTGAAGTGTCAAGATGCTCATCTTGAATTTTCAATTTTGAACCCGAGAA 660  
Qy 661 GTAGATACAAATACAAATGTAGATTTGATCTTATTTAAATTTCTAATTCAGATGGA 720  
Db 661 GTAGATACAAATACAAATGTAGATTTGATCTTATTTAAATTTCTAATTCAGATGGA 720  
Qy 721 TACCGTACAGTAGGGAATCTAGAACTCATTTGAAGAGCACTAAGGTGAAGCATTTG 780  
Db 721 TACCGTACAGTAGGGAATCTAGAACTCATTTGAAGAGCACTAAGGTGAAGCATTTG 780  
Qy 781 GCACATGTGAACCAAAAGGAAAGAAATGGAACCAACATGAGAAAAAAGCTTTGGGA 840  
Db 781 GCACATGTGAACCAAAAGGAAAGAAATGGAACCAACATGAGAAAAAAGCTTTGGGA 840  
Qy 841 ACACAAACAAGCTTATGATTCAGCAAAACAGGCTGTAGATGCTATTTTAAATGAAACA 900  
Db 841 ACACAAACAAGCTTATGATTCAGCAAAACAGGCTGTAGATGCTATTTTAAATGAAACA 900  
Qy 901 GAGTTACATATATATTTAGATCATATTTCAAAACGCTGATGCACTGGTACAGTCG 960  
Db 901 GAGTTACATATATATTTAGATCATATTTCAAAACGCTGATGCACTGGTACAGTCG 960  
Qy 961 ATTCCCTATGTATACCAATTTGTTTACCGAAATGCTCCAGGTATGAACTTATGATATAT 1020  
Db 961 ATTCCCTATGTATACCAATTTGTTTACCGAAATGCTCCAGGTATGAACTTATGATATAT 1020  
Qy 1021 CAAGAGTTAAACGACGATCATGCAAGGTTATATTTATATGATGACGAATGTCTATA 1080  
Db 1021 CAAGAGTTAAACGACGATCATGCAAGGTTATATTTATATGATGACGAATGTCTATA 1080  
Qy 1081 ACAAAATGTGACTTTTACACAAAGATTACAGGATGCGAACGAAATGCGCGGTA 1140  
Db 1081 ACAAAATGTGACTTTTACACAAAGATTACAGGATGCGAACGAAATGCGCGGTA 1140  
Qy 1141 CAACAAATGATGAGCTTTCAGTATATTTCTATTAATTTGAGAGCGCGGGTATCTCAA 1200  
Db 1141 CAACAAATGATGAGCTTTCAGTATATTTCTATTAATTTGAGAGCGCGGGTATCTCAA 1200  
Qy 1201 AACTTGCAATGCTCAAGATCATGATGATGTTAGCTGTGATTTGCCAAAAAGAAAGA 1260  
Db 1201 AACTTGCAATGCTCAAGATCATGATGATGTTAGCTGTGATTTGCCAAAAAGAAAGA 1260  
Qy 1261 CCTGAAAAAGGATATGTAAGCATGATGATTTGTAATGGAAGCAGAAACACTTAAGTTC 1320  
Db 1261 CCTGAAAAAGGATATGTAAGCATGATGATTTGTAATGGAAGCAGAAACACTTAAGTTC 1320

Qy 1321 ACTTCTTGGCAAGAGATATATGACAAAAACAGTAGAGGTAATCCAGAAAGTATCGT 1380  
Db 1321 ACTTCTTGGCAAGAGATATATGACAAAAACAGTAGAGGTAATCCAGAAAGTATCGT 1380  
Qy 1381 GTACGAGATTGAATAGAGAAACCGAAGTATATTTATATAGATGATGATGATGATGAT 1440  
Db 1381 GTACGAGATTGAATAGAGAAACCGAAGTATATTTATATAGATGATGATGATGATGAT 1440  
Qy 1441 TGTATGCAAGATATGATTAACATATATACCTGACACCGGTAATATGATGACAAAGT 1500  
Db 1441 TGTATGCAAGATATGATTAACATATATACCTGACACCGGTAATATGATGACAAAGT 1500  
Qy 1501 TATATGGAATTTATATCAAAATACTAGGATGATGATTTACCAAGGATATCAAAACAC 1560  
Db 1501 TATATGGAATTTATATCAAAATACTAGGATGATGATTTACCAAGGATATCAAAACAC 1560  
Qy 1561 TATATCAAGACTCTAGTATATGATATATCAAAATATATCAATGATGATGATGATGAT 1620  
Db 1561 TATATCAAGACTCTAGTATATGATATATCAAAATATATCAATGATGATGATGATGAT 1620  
Qy 1621 TCCGTTGCAATGATTAACCAAGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1680  
Db 1621 TCCGTTGCAATGATTAACCAAGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1680  
Qy 1681 CGTTAA 1686  
Db 1681 CGTTAA 1686

RESULT 2  
US-10-781-979-1  
; Sequence 1, Application US/10781979  
; Publication No. US20040250311A1  
; GENERAL INFORMATION:  
; APPLICANT: Carozzi, Nadine  
; APPLICANT: Hargies, Tracy  
; APPLICANT: Kozziel, Michael G.  
; APPLICANT: Duck, Nicholas B.  
; APPLICANT: Carr, Brian  
; TITLE OF INVENTION: AXM1-009, A Delta-Endotoxin Gene and  
; TITLE OF INVENTION: Methods for its use  
; FILE REFERENCE: 045600/274147  
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/781,979  
; CURRENT FILING DATE: 2004-02-20  
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/448,797  
; PRIOR FILING DATE: 2003-02-20  
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 28  
; SOFTWARE: FastSeq for Windows Version 4.0  
; SEQ ID NO 1  
; LENGTH: 5980  
; TYPE: DNA  
; ORGANISM: Bacillus thuringiensis  
US-10-781-979-1

Query Match 100.0%; Score 1686; DB 8; Length 5980;  
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 0; Indels 0; Gaps 0;  
Matches 1686; Conservative 0; Mismatches 0

Qy 1 GTGAGTCTATGTTTACAGTAGTACGAAAAATACGTTAAATATAGAAACGACAGATAT 60  
Db 2309 GTGAGTCTATGTTTACAGTAGTACGAAAAATACGTTAAATATAGAAACGACAGATAT 2368  
Qy 61 GAAATGATCAAGCGGCAATTTCTATAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 120  
Db 2369 GAAATGATCAAGCGGCAATTTCTATAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2428  
Qy 121 AAAATATGTTATGCGGATGAAATTAATCTGCAAAACAACTTGTGCTCGTAACTTA 180  
Db 2429 AAAATATGTTATGCGGATGAAATTAATCTGCAAAACAACTTGTGCTCGTAACTTA 2488  
Qy 181 CTCCAAAATGAGACTTTCTGGGAATGATTCGATTCGTAATGATATATCATAGGA 240

2489 CTCGAAATGAGACTTTTCGGAATGATGACATTCGGTAATGATATATCATAGGA 2548  
241 TCCAAATATCCATATTTTAAAGAAAATTTCTACAGATCGTGAGACAGACATATAT 300  
2549 TCCAAATATCCATATTTTAAAGAAAATTTCTACAGATCGTGAGACAGACATATAT 2608  
301 GGAATCTATTTTCCAACTATATCTGTCAAAAAATGATGACTCTAAATTTAAACCAT 360  
2609 GGAATCTATTTTCCAACTATATCTGTCAAAAAATGATGACTCTAAATTTAAACCAT 2668  
361 ACACCTATCGAGTAAAGAGGTTTGTGGAGATGATGAATTTGAAATTTAATGTAACA 420  
2669 ACACCTATCGAGTAAAGAGGTTTGTGGAGATGATGAATTTGAAATTTAATGTAACA 2728  
421 CGTTACGGGAAAGAAATTTGATGCTATCATGAATGTTCCAAATGATTTGGCTATATG 480  
2729 CGTTACGGGAAAGAAATTTGATGCTATCATGAATGTTCCAAATGATTTGGCTATATG 2788  
481 CCTATCTCTTCACTGTGGAGATTTGCTGTGTGAATCATGCTCTCAATATGTGACCAAG 540  
2789 CCTATCTCTTCACTGTGGAGATTTGCTGTGTGAATCATGCTCTCAATATGTGACCAAG 2848  
541 TATCTTACGCAACAGATGATATGCTCCGATATGTATGCAATGCCGAAATATATGAT 600  
2849 TATCTTACGCAACAGATGATATGCTCCGATATGTATGCAATGCCGAAATATATGAT 2908  
601 AGAAGCATGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 660  
2909 AGAAGCATGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2968  
661 GTAGATCAAAATCAAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 720  
2969 GTAGATCAAAATCAAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 3028  
721 TAGGCTACGATGAGGAAATCTAGAAGTCAATGAAAGAGCACTAACAGATGAGATG 780  
3029 TAGGCTACGATGAGGAAATCTAGAAGTCAATGAAAGAGCACTAACAGATGAGATG 3088  
781 GCACATGTGAAACAAAAGGAAAGAAATGAAACAAACATGAGAGAAAGAGTTGGGAA 840  
3089 GCACATGTGAAACAAAAGGAAAGAAATGAAACAAACATGAGAGAAAGAGTTGGGAA 3148  
841 ACACAAAGAGCTTATGATGACAGAAACAGGCTGTGATGATGATGATGATGATGATG 900  
3149 ACACAAAGAGCTTATGATGACAGAAACAGGCTGTGATGATGATGATGATGATGATG 3208  
901 GAGTTATCATCATATTTAGATCATATTTCAAAAGCTGATGATGATGATGATGATG 960  
3209 GAGTTATCATCATATTTAGATCATATTTCAAAAGCTGATGATGATGATGATGATG 3268  
961 ATTCCCTATGATACCAATATTTGTTACCGAATGCTCAAGATGATGATGATGATGAT 1020  
3269 ATTCCCTATGATACCAATATTTGTTACCGAATGCTCAAGATGATGATGATGATGAT 3328  
1021 CAAGATTAAGGACGATCATGCAAGGTTATATTTATGATGATGATGATGATGATG 1080  
3329 CAAGATTAAGGACGATCATGCAAGGTTATATTTATGATGATGATGATGATGATG 3388  
1081 ACAATGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1140  
3389 ACAATGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 3448  
1141 CAACAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1200  
3449 CAACAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 3508  
1201 AACTTGCATGCTCAAGATCATCATGATATGTTTACGTTGATGATGATGATGATGAT 1260  
3509 AACTTGCATGCTCAAGATCATCATGATATGTTTACGTTGATGATGATGATGATGAT 3568  
1261 CCGTGAAGAGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1320  
3569 CCGTGAAGAGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3628

1321 ACTTCTCGGAAGAGATATATGACAAAACAGTACAGATTTCCGAAAGTATGCT 1380  
3629 ACTTCTCGGAAGAGATATATGACAAAACAGTACAGATTTCCGAAAGTATGCT 3688  
1381 GTACGATTTGAATGTAGAGAAACCGAAGGTACATTTATATATGATGATGATGAT 1440  
3689 GTACGATTTGAATGTAGAGAAACCGAAGGTACATTTATATATGATGATGATGAT 3748  
1441 TGTATGCAAGATATGATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1500  
3749 TGTATGCAAGATATGATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 3808  
1501 TATATGCAAGAT 1560  
3809 TATATGCAAGAT 3868  
1561 TATATGCAAGAT 1620  
3869 TATATGCAAGAT 3928  
1621 TCCGTTGCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1680  
3929 TCCGTTGCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3988  
1681 CCTTAA 1686  
3989 CCTTAA 3994

RESULT 3  
US-10-929-754-4  
; Sequence 4, Application US/10929754  
; Publication No. US20050124803A1  
; GENERAL INFORMATION:  
; APPLICANT: ABDULLAH, MODH AMIR  
; TITLE OF INVENTION: INSECTICIDAL CRYSTAL PROTEINS WITH ENHANCED TOXICITY  
; FILE REFERENCE: 22727/04179  
; CURRENT FILING DATE: 2004-08-30  
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/498,826  
; PRIOR FILING DATE: 2003-08-29  
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 43  
; SOFTWARE: Patencin Ver. 3.2  
; SEQ ID NO 4  
; LENGTH: 4391  
; TYPE: DNA  
; ORGANISM: Bacillus thuringiensis  
US-10-929-754-4  
Query Match 54.3%; Score 914.8; DB 9; Length 4391;  
Best Local Similarity 76.0%; Pred. No. 66-197;  
Matches 1187; Conservative 0; Mismatches 357; Indels 18; Gaps 4;  
1 GTGAGTCTATGTTTAAAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 60  
2799 GTGAGTCTATGTTTAAAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2858  
61 GAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 120  
2859 GAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2918  
121 AAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 180  
2919 AAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2978  
181 CTCGAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 234  
2979 CTCGAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 3038  
235 ATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 294

3039 ATTGAGCAGATTAATGCAACTTTTAAAGGAACTATCTGCAATGTCTGGGCGAGAGAC 3098  
QY 295 ATATATGGAACCTCTATTTCCAACTATATCTGTCAAAAAATAGATGCTTAATATAA 354  
Db 3099 ATATATGGAACGATATCTCCCAACGTAATATATCAAAAAATGAGAAATCCAAATTAATA 3158  
QY 355 CCATATACACGTTATCGAGTAAAGAGGTTTGGGAGAGTAAAGATTTGAAATTAATAG 414  
Db 3159 CCGATTTCGCGTTATCTAGTCAAGGAGATTTTGGGAGAGTAAAGATCTAGAAATTAATG 3218  
QY 415 GTAACACGTTACGGGAAAGAAATTAAGTATCATGAAATGTTCCAAATGATTTGGCCAT 474  
Db 3219 GTAATGCGCTTATGGAAGAAATTTGATACAGTAATGATGACCAATGACATACCGTAC 3278  
QY 475 ATGACGCTTATCTTCATGT---GAGATTATCGCTGTGAATCATGCTTCAGTATGTG 531  
Db 3279 GTACCTTTCTAATGCCGTGTGTAAACAAATTAATATGATGTCAACACCGTATCCAAATAG 3338  
QY 532 AGCCAAAGGTTATCCTAACCAACAGATGGAT-----ATGCTCCGATATATGATGCATGC 585  
Db 3339 CATGTAGATATTTATATCAATGCCAGTTTCTCCGCTTTCTTACACATCCGATCTTGT 3398  
QY 586 CCGCAAAATATAGATAGAAAGCATGTGAAGTGTACGATCGTCATCCATTTGATTTTCAT 645  
Db 3399 CAGTGTACGCGCGCAAAAAACATGTGTATGTCTGATGATTCATCAATTCAGTTTCAT 3458  
QY 646 ATTGACACCGGAAAGTATGATCAAAATCAAAATGATGATGTCTTATTAATAATT 705  
Db 3459 ATTGTATACGGGGAGAGTATGATCAATCAAAATCAGAAATTTGGGTGTGTTTAAATC 3518  
QY 706 TCTATCCAGATGATGATCGTTACAGTACAGTAAGATCTAGAAGTATGAAGAACACCATTA 765  
Db 3519 TCTTACCCGATGCTACGCACTAATGATTAATTTAGATTAATTTAGAGAGGAGCAAGTA 3578  
QY 766 ACAGGTGAAGCATTTGCAATGTGAAACAAAAGAAAAGAAATGGAACAAACATGAG 825  
Db 3579 AGAGCGAAGCAGTACATGTATAAACAAGAAAAGAAATGGAATCAGCAAAATGAG 3638  
QY 826 AAAAAAGCTTGGGAAACACAAACAGCTTATGATCCAGCAAAACAGGCTGTAGATGCATTA 885  
Db 3639 AAAAAAGCCTAGGAAACAAAGAGTCTATGACCCAGCAAAACAGGCTGTAGATGCATTA 3698  
QY 886 TTTTACAAATGAAACAAGATTTACATATCATATATCTTATAGATCAATTCAAATCCGTA 945  
Db 3699 TTTTAC---GAGAAAGATTTAACTATGATGTTAATGTCAACATTAAGAACCCGAT 3755  
QY 946 CGACTGTACAGTGCATTCCTATGTATACCAATTTGGTTACCGAATGCTCCAGATAG 1005  
Db 3756 GATTTGGTACAGTGCATTCATATATGACCAATGAGTGGTTACCGAATTTTCCAGGATG 3815  
QY 1006 AACTATGATGATATCAAGAATTTAAACGACGTAATCATGCAAGTATTAATTTATATGAT 1065  
Db 3816 AACTATGATATATCAAGAATTTAAACGCGCTATCATGCAAGCAGCTATTTATATACAT 3875  
QY 1066 GCACGAATGTCAATCAAAATGTGACTTTACACAAGATTTACAGAGATGCGACGCAACA 1125  
Db 3876 GCACGAATGTCAATCAAAATGTGGAATTTTGCACAAGATTTCAAGGATGCGACGAA 3935  
QY 1126 GAAATTCGCGCGGTAAACAATGAGAGCTTCAGTATTAATGTTCTATCAAAATGGAGC 1185  
Db 3936 GAAATTAAGTAAGTACCAAAATGAAACGAAACGTCTGATTATGCTTATCCAAATGGAGC 3995  
QY 1186 GCGGGGATATCTCAAAATTTGATGCTCTCAAGATCATCATGATATGTTGTTACGTTGAT 1245  
Db 3996 TCTGAGATATCTCAAAACCTTCATGTCCAAACATTCACATGATGATCTTATAGTGTGAT 4055  
QY 1246 GCAAAAAAGAGAGCTGAAAAAGGATATGTAAGATGATGATTTGTAATGAAAGAG 1305  
Db 4056 GCGAAAAAGAGAGCTTGGGAAAGGCTATGTAAGAGATGATGTAATGTAAGAG 4115  
QY 1306 GAAACACTTAAGTCACTTCTTGCAGAGAGGATATATGACAAAAACAGTAGAGGTAATTC 1365  
Db 4116 GAAACACTTAAGTCACTTCTTGCAGAGATATATATGACAAAAACGTAAGGTAATTC 4175

QY 1366 CCAGAAAGTATCGGTGACGATTTGAATATGAGAAACCGAAGGTACATTTATATAGAT 1425  
Db 4176 CCAGAAAGTATCGGTGACGATTTGAATATGAGAAACCGAAGGTCTGTTTATATGAA 4225  
QY 1426 AGCATGAGTGTCTTGTATGCAAGATATGATTAACAATATACTGCAACCGGTAAT 1485  
Db 4236 AGCATGAGTGTGTATGTAAGAACGATATATAGCAATATAACGAATATAGATAT 4295  
QY 1486 ATGATGACCAAGTATTAATGCAAAATTAATTAATCAAAATCTAGCGATGTATACCA 1545  
Db 4296 ATGATGATCAAACTTATAGGGAATTAATGCAAAATCTAGCGATGTATGATCA 4355  
QY 1546 GG 1547  
Db 4356 GG 4357

RESULT 4  
US-10-929-754-2  
; Sequence 2, Application US/10929754  
; Publication No. US20050124803A1  
; GENERAL INFORMATION:  
; APPLICANT: ABDULAH, MODH AMIR  
; TITLE OF INVENTION: INSECTICIDAL CRYSTAL PROTEINS WITH ENHANCED TOXICITY  
; FILE REFERENCE: 22727/04179  
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/929, 754  
; PRIOR FILING DATE: 2004-08-30  
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/498, 826  
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 43  
; SOFTWARE: PatentIn Ver. 3.2  
; SEQ ID NO 2  
; LENGTH: 3684  
; TYPE: DNA  
; ORGANISM: Bacillus thuringiensis  
US-10-929-754-2

Query Match 46.5%; Score 783.2; DB 9; Length 3684;  
Best Local Similarity 72.2%; Pred. No. 4.2e-167;  
Matches 1070; Conservative 0; Mismatches 388; Indels 24; Gaps 3;

QY 1 GTGAGTCCATGTTTACAGTATGACGAAATACGTTAAATAATGAAACGACAGATTAT 60  
Db 2113 GTGAGTCACTGTTTACAAATGACGCAAAAGATTCATTAACATTGGAACGACAGATTAT 2172  
QY 61 GAAATGATCAAGCGGCATTTCTATAGAAATGTAATGTCAATGAAACAAATCCTCAGGAA 120  
Db 2173 GACATGATCAAGCGGCAAACTTGTGAATGTAATTTCTGAAGAAATATATCCAAAGAA 2232  
QY 121 AAAATATGTTATGGAATGAAATTAACCTGGCAAAACAATTAGTCTGCTGTAATCTA 180  
Db 2233 AAAATGCTGTTATGTAATGAAATTAATAATGCGAAACAATCTAGTCAATCTGAAATGTA 2292  
QY 181 CTCCAAAATGGAAGCTT-----TCTGGGAATGATTGGAATTCGGTAATGATATTATC 234  
Db 2293 CTCCAAAAGCGGGAATTTGAATCGGCTACGCTTGTTGGAACACAGATGTAATATCA 2352  
QY 235 ATAGATTCATATATCCATATTTTAAAGAAATTTCTACAGATGCTGAGACGAGAC 294  
Db 2253 ATTCAGAAAGATGATCTTATTTTAAAGGCAATTAACCTTATATGTCTGGGCGAGAGAC 2412  
QY 295 ATATATGGAACCTATTTTCCAACTATATCTGTCAAAAAATAGTGAATCTTAATTAATA 354  
Db 2413 ATATATGATGATGATATTTCCGACCTATATATTTCCAAAAATTAATGATCAAAATTAATA 2472  
QY 355 CCATATACGTTATTCAGATTAAGAGGTTTGTGGAGATGTAAGATTTGAATTAATG 414  
Db 2473 CCGTATACGTTATCTAGTAAGGGAATTTGTAGAAATGTAAGATGTAAGACTAGTG 2532  
QY 415 GTAACAGTTACGGGAAAGAAATGATGCTATCATGATGTTCCAAATGATTTGGCCAT 474

Db 2533 GTTTCACGCTATGGGGAAGAAATGATGCCATCATGAAATGTTCCAGCTGATTTAAACTAT 2592  
 QY 475 ATGCAGCCTAAATCCTTCATGTGAGAAATTCGCTGTAATCAATCGTCTCAGTATGTGAC 534  
 Db 2593 CTGTATCCTTCTAC-----CTTTGATTTGGAAGGGTCTTAATCGTTGTGAGACG 2640  
 QY 535 CAAGGGTATCCTACACCAACAGATGATATGCTCCCGATATGTATGCAATGCCCGCAAAAT 594  
 Db 2641 TCCGCTGTGCGCGCTAACATTGGGAACATCTTGATATGTTGATTTCAATGCAATATGAT 2700  
 QY 595 ATAGATAGAAAGCATGTGAAAGTGTCCAGTCATCCATTTGATTTTATATTTGACACC 654  
 Db 2701 ACGGGAAGAAAGCATGTGTATGTAGAGATTCCTCATTAATTTAGTTTCTATATATACA 2760  
 QY 655 GGAGAAGTAGATACAAATACAAATGAGGTATGTTGTTCTTATTTAAAAATTTCTAATCCA 714  
 Db 2761 GGGGCTATGATACAAATGAAATATAGGGGTTGGGTCATGTTTAAAAATCTTCTCCA 2820  
 QY 715 GATGATAGCTTACAGTACAGGAAATCTAGAAATCTTTGAAAGAAAGCACTAAGAGTGA 774  
 Db 2821 GATGATAGCTTACATTTAGATTAATTTAGAAATTTAGAAAGGCGCAATAGATGGGGA 2880  
 QY 775 GCATTGGCAATGTGAAACAAAAAGAAATGGAAACAACATGGAGAAAAACGT 834  
 Db 2881 GCACTGTCCGCGTGAACACATGGAGAAAGAAATGGAAAGATCAATGGAGCAAAACGT 2940  
 QY 835 TGGGAAACCAACAAAGCCTATGATCCAGCAAAACAGGCTGTAGATGCAATTTTCAAAAT 894  
 Db 2941 TCGGAAACCAACAAAGCATATGATGTAGGAAACAAAGCATGATGCTTTATTCACAAAT 3000  
 QY 895 GAACAAGA-----GTTACATCTATATTAATTTAGATCAATTTAAAAACGCTGATCCA 948  
 Db 3001 GTACAGAGATGAGGCTTTACAGTTGATAGACACTCGCTCAAAATTCAGTACGCTGATAT 3060  
 QY 949 CTGGTACAGTCCGATTCCTATGATATACCAATTTGGTTACCGAATGCTCCAGGTATGAAC 1008  
 Db 3061 TTGGTACATTCATTTCAATATGTATGATCAATGATGTTGTTGATGATGATGATGAT 3120  
 QY 1009 TATGATGATATCAAGATTTAAACGCACTATCATGCAAGGTTAATTTATATATGATGCA 1068  
 Db 3121 TATGATATCTATGTAGAGTTGATGATGCAAGGTCGCAACGCGGTATTTGATATATACA 3180  
 QY 1069 CGAAATGTATTAACAAATGTGATCTTTACCAAGATTTACAGGATGTCGACGACACAGA 1128  
 Db 3181 AAAAAATATTTAAATAATGTGATTTTACCAAGGCGTAAATGGGTCGATGTTACTGGA 3240  
 QY 1129 AATGCCGGGCTCAACAAATGATGATGAGCTTCAATTTGATTTCAATTTGAGCGCG 1188  
 Db 3241 AATGCAGAGCTACAAATAATGATGATGTTGTTCTGATTTGTTCTATCTAATTTGAGTGT 3300  
 QY 1189 GGGGATCTCAAAATCTTGATGCTCAAGATCATCATGATATGTTGTTACGTGATGTGC 1248  
 Db 3301 GCGGATCTCAAAATGTCATCTCCAACTAATCAATGAGGTATGTTCTTACGTGATATGTC 3360  
 QY 1249 AAAAAAGAGAGCTTGAAAGGGTATGTACAGATGATGATTTGATGAAAGCAGAA 1308  
 Db 3361 AAAAAAGAGAGCTTGAAATGGGTATGTACAGCTTATGATGATGATGATGATGATGAA 3420  
 QY 1309 ACACCTAAGTCACTCTTGCGAAGAGATATATGACAAAAACATAGAGGATTTCCCA 1368  
 Db 3421 AATTTGACGTTTACGTTGTGTGAGAGAGATATATATGACAGCAATGATGATTTCCCA 3480  
 QY 1369 GAAAGTATCGTGTACGATTTGAAATGAGAGAAACGAAAGTACATTTTATATATGATGAC 1428  
 Db 3481 GATACAGATCGTGTACGATTTGAGATGAGGAAACGAAAGGTCGTTTATATGAAAGC 3540  
 QY 1429 ATCGAGTGTCTTTGATGCAAGATATGATTAACAATTAATAC 1470  
 Db 3541 ATTGAATTAATTTGATGAAAGAGATTAATTAATAAATAAC 3582

RESULT 5  
 US-10-120-544A-3

; Sequence 3, Application US/10120544A  
 ; Publication No. US20020182693A1  
 ; GENERAL INFORMATION:  
 ; APPLICANT: TANAKA, Masao  
 ; APPLICANT: YOKOYAMA, Tomoko  
 ; APPLICANT: AOYAGI, Moriochi  
 ; APPLICANT: HASEGAWA, Makoto  
 ; APPLICANT: EHARA, Gaku  
 ; APPLICANT: KIMURA, Masaharu  
 ; APPLICANT: NISHIHASHI, Hideji  
 ; TITLE OF INVENTION: Polypeptide having larvae growth inhibiting or  
 ; TITLE OF INVENTION: insecticidal effect on scarabaeidae insects and  
 ; FILE REFERENCE: OP135  
 ; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/120,544A  
 ; PRIOR APPLICATION NUMBER: 2002-04-12  
 ; PRIOR APPLICATION NUMBER: JP 2001-115754  
 ; PRIOR FILING DATE: 2001-04-13  
 ; PRIOR APPLICATION NUMBER: JP 2001-203463  
 ; PRIOR FILING DATE: 2001-07-04  
 ; NUMBER OF SEQ ID NOS: 22  
 ; SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.0  
 ; SEQ ID NO 3  
 ; LENGTH: 4359  
 ; TYPE: DNA  
 ; ORGANISM: Bacillus popilliae  
 ; FEATURE:  
 ; NAME/KEY: CDS  
 ; LOCATION: (282)..(4229)  
 US-10-120-544A-3  
 Query Match 22.8%; Score 384.2; DB 5; Length 4359;  
 Best Local Similarity 58.0%; Pred. No. 1.8e-76;  
 Matches 805; Conservative 0; Mismatches 528; Indels 54; Gaps 5;  
 QY 1 GTGAGTCCATGTTTACAAAGTACGAGAAATAGCTTAAAAATGAAACGACAGATTAT 60  
 Db 2337 GTGAAACATTTGTTTACAGATGATGATGAAAGGCGCTAAAGAAAGCAGACCAATTAT 2396  
 QY 61 GAAATAGATCAACGCGCCATTTCTATAGATGATGTCAGATGAAACAAATCTCAGGAA 120  
 Db 2397 GAGATGATCAACGCGCCAACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2453  
 QY 121 AAAATATGTTATGAGATGAAATTAACCTGCGAAACCACTTATGTCAGTCTGATCTTA 180  
 Db 2454 AAAATATGTTATGAGATGAAATTAATGCAAAACCACTGCGCAACCCGCAATTATTA 2513  
 QY 181 CTCCAAATGAGACTTTCT-----GGGAATGATTGGACA 216  
 Db 2514 CTGCTCAATGGGAATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2573  
 QY 217 TTGCGTAAATGATATATATATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 276  
 Db 2574 ACAAGTCCGATGTTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2633  
 QY 277 ATGCTGAGACGAGACATATATGAAAC-----TCTATTTCCAACTTATCTGTCAA 330  
 Db 2634 ATGCGGGGTGCGAAAGATATGAGGCCAACATGATACCTTCCCAAGTATCTATCAA 2693  
 QY 331 AAAATAGATGATCTAAATTTAAACCATATATACGTTATCGAGTAAAGAGGTTTGGGGA 390  
 Db 2694 AAAATAGAGAGCCAAATTTAAAGCATATATACGATTAATGATGATGATGATGATGATGAT 2753  
 QY 391 ACTAGTAAAGATTTGAAATTAATGATTAACGCTTACGCGGAAAGAAATGATGCTATCATG 450  
 Db 2754 ACGACAAAGCTCTAGAGCTGTGTTTACAGCTTATATGAAAGATGATGATGATGATGATGAT 2813  
 QY 451 AATGTTCCAAATGATTTGGCTTATATGACGCTAATCTTCAATGTGAGATTAATGCTGT 510  
 Db 2814 GATGTACCGATTAATATCCGATGCGCGATGCTGCTGTGCGTGAATTTGATGATGATGAT 2873  
 QY 511 GAATCATGTC-----TCAGTATGAGGCAAGGGTATCTTACCAACA 555

Db	2874	AAGCCCTATTGGTATCCACTTTACTTCCAGAAATGTAACCTGAGTTTATTAATCAAGT	2933
Qy	556	GATGGATATGCTCCCGATATGTATGCAATGCCCGCAAAATATGATAGAAAGCATGTGAAG	615
Db	2934	CAACCATCTCTTGCCACCAACATCAGATGGTCGATTCAAATATACAGAAAAACACCGCAAA	2993
Qy	616	TGTCACAGATGTCATCCATTTTGATTTTATATATGACCGGAGAGTATGATACAAATACA	675
Db	2994	TGTCATCAAGCGCATCAATTTGATTTCCATATTTGATACCGGACATGATCTGGTCCAA	3055
Qy	676	AATGTAGGTATGATGTCTTATTTAAAAATTTCTAATCCAGATGATACGTACAGTAGGG	735
Db	3054	GATTTGGGCATTTGGGTGATCTTCAAAATCTGTGCCACAGATGTTTACGAAAGCTTAGAT	3113
Qy	736	AATCTGAAGTCACTTGAAGAAAGACCACTAACAGGTGAAGCATTTGGCACTATGTGAACAA	795
Db	3114	GATTTGGAAGTGAATTGAAGAAAGACCGGTGGGTGTGCAAGCATTTGAACCTGTCAAGAAA	3173
Qy	796	AAGGAAAGAAATGGAAACAACATGGAGAAAAACCTTGGGAAACAACAACACCTAT	855
Db	3174	AGAGAAAAGAAATGGAGACATCAGAGAGACAGCACTGTTGGCAACGAAACACAAATAT	3233
Qy	856	GATCCAGCAAAAACAGCTGTAGATCATTTATTTACAA-----TGAACAAGATTACAC	909
Db	3234	GATCGCGCAAAACACGCGGTATGGCTTTATTCACAAACACGCGCTATGAAAAAATTGAAG	3293
Qy	910	TATCATATTACTTTAGATCATATTCAAAACGCTGATGCACTGTATCACTGCATTTCCCTAT	969
Db	3294	TTCGAAACACCATCTCCAAATATTTTGTATGCTGATCATCTGTGCAAGTCGATTTCTTAT	3355
Qy	970	GTATACCAATTAATGGTTTACCGAATGCTCCAGATATGAACATAATGATATATCAAGATT	1029
Db	3354	GTATATATTAATTAATATGTACCGGAAGTTCCAGGTATGAATTAAGAACTCTATACAGAGCT	3413
Qy	1030	AACGACGATATCAGCAAGGTTTATTAATTTATATATGACACGAATGTCTATAACAAATGCT	1088
Db	3414	AACACTCTCGTTCAGAAATGCGTTCTATCTATATATGACACGCGAAATCTAATTAATAATGCG	3473
Qy	1090	GACTTTACACAAGGATTTACAGGATGCGACGACGACAGAAATATGCGCGGTCAACAATATG	1149
Db	3474	CGCTTTAGCAATGGGCTTATGTATTTGGCAGGCTACCCCGCATGACAGAGTGMACAAAGAA	3533
Qy	1150	GATGAGACTTCAGTATTAATTTCTATCAAAATTTGAACGCGGGGGTATCTCAAAACTTGAT	1209
Db	3534	TATGAGAAATCTGTACTCTGTGCTCCAAATTTGGAGATGCAATATGTCTCCCAAGATCTTTGT	3593
Qy	1210	GCTCAAGATCAATCAGATATGTATGTATGCTGTAGATTTGCAAAAAAGAAAGACCTGGAAA	1265
Db	3594	ATCGAAACCAATCCGGGTTATGTATTTGGGTGTCAAGGAGAGAAAAGAAAGATCCGGAGCT	3655
Qy	1270	GGGTATGTAAAGATGATGATTTGTATATGAAAAGCAGAGAAACATTTAAGTTCACTTTGCG	1329
Db	3654	GGCAATGTTACTTCAATGACGTGCAAAACATGTGCAAGCTGATTAATCTTTCTGG	3713
Qy	1330	GAAAGAG 1336	
Db	3714	GATATAG 3720	

RESULT 6  
 US-11-091-654-3  
 Sequence 3, Application US/11091654  
 Publication No. US2005017335A1  
 GENERAL INFORMATION:  
 APPLICANT: TANAKA, Masao  
 APPLICANT: YOKOYAMA, Tomoko  
 APPLICANT: AOYAGI, Moritichi  
 APPLICANT: HASEGAWA, Makoto  
 APPLICANT: EHARA, Gaku  
 APPLICANT: KIMURA, Masaharu  
 APPLICANT: NISHIHASHI, Hideji  
 TITLE OF INVENTION: Polypeptide having larvae growth inhibiting or insecticidal effect on scabrobaetidae insects and

```

1  TITLE OF INVENTION:  polymucleotide encoding the same
2
3  FILE REFERENCE:  OP135
4
5  CURRENT APPLICATION NUMBER:  US/11/091,654
6
7  CURRENT FILING DATE:  2005-03-29
8
9  PRIOR APPLICATION NUMBER:  JP 2001-115754
10
11 PRIOR FILING DATE:  2001-04-13
12
13 PRIOR APPLICATION NUMBER:  JP 2001-203463
14
15 PRIOR FILING DATE:  2001-07-04
16
17 NUMBER OF SEQ ID NOS:  22
18
19 SOFTWARE:  Patentin Ver. 2.0
20
21 SEQ ID NO 3
22
23 LENGTH:  4359
24
25 TYPE:  DNA
26
27 ORGANISM:  Bacillus popilliae
28
29 FEATURE:
30
31 NAME/KEY:  CDS
32
33 LOCATION:  (282)..(4229)
34
35 US-11-091-654-3

```

Query Match	22.8%	Score 384.2;	DB 10;	Length 4359;
Best Local Similarity	58.0%	Pred. No. 1.8e-76;		
Matches 805; Conservative	0;	Mismatches 528;	Indels 54;	Gaps 5;

OY	1	GTGAGTCCTAATGTTTAAACAAGTAAGTAAACGAAAAATACGTTAAATAATGAATAACGACGATTAAT	60
Db	2337	GTGAACCCATTTGTTTACAGATGATTCGAAAAAGCGGCTTAAAGAAAGGACACACCGATTAAT	2396
OY	61	GAATAGATCAAGCGGCCCATTTCTATAGATATGTATGTCAGATGAAACAATACTCTCAGAA	120
Db	2397	GAGATCGATCAAGCGGCCAGGTGATGTTGTATTCGATG---AGTGGACATGAG	2455
OY	121	AAAAATATGTTATGGGATGAATTAATAACGTGGAAAAACACTTAAGTCACTTCGCTATCTA	180
Db	2454	AAAAATGATCCCTGTTAGATGAAGTAAATATGCCAAAACAACACGACCAAGCCCGCAATTTA	2513
OY	181	CTCCAAAATGGAGACTTTTCT-----GGGATGATGACA	216
Db	2514	CTGCTCAATGGAAATTTTCGATGATCTATATCCAGCTCTGGAGAGGAGAAATCCATGAAA	2573
OY	217	TTGCGTAATGATATTATCATAGATCCAAATACTCTATTTTTAAAGAAAAATTTCTACAG	276
Db	2574	ACAAGTCCGACGTGTTACGATCCGTCAGAGATAACCGGATTTTTAAAGCCATTATCTCAGT	2633
OY	277	ATGCGTGAAGACAGAGACATATATGGAAC-----TCATTTCCAACCTATATCTGTGAA	330
Db	2634	ATGGCGGCGTGGAACGATATTGAGGCCCAACATGATACCTTCCCAAGTATGTCATATAA	2693
OY	331	AAATAGATGAGTCTAAATTTAAAAACATATACAGTTATCAGTATGAAGAGGTTTGTGCGA	390
Db	2694	AAATATAGACGAAGCCAAATTTAAACCATATACACGATATAAAGTCGGGGTTTGTGCT	2753
OY	391	AGTAGTAAGATTGAAATTAATGATGACACGTTACGGGAAAAAATATGATGCTATCATG	450
Db	2754	AGCGCAAAAGCTCTAGAGCTGTGTGTTACACGCTATATGAAGAAGTCGATGCGATTTTA	2813
OY	451	AATGTTCCAAATGATTTGGCCTATATGAGCGCTAATCCTCATATGAGGAGATTATCGCGT	510
Db	2814	GATGTAACCGATTAATATCCGCAAGCGCGCACTCTGTCTCGGTAATTTGATTCGATGC	2873
OY	511	GAATCATCTGTC-----TCAGTATGTGAAGCCAAAGGATATCTTACACCAACA	555
Db	2874	AAGCCATATGTAATCCACCTTACCTTCAGAAATGTAACCTGTAGTTAATAATCAGATG	2933
OY	556	GATGATATATGCTCCCGATATGATATGATGATGCCCGCAAAATATAGATGAAGACATGTGAG	615
Db	2934	CAACCATCTCTTGCACACCAACAATCAAGTGTGATTAACATAACAGAAAAACCGCAAA	2993
OY	616	TGTCAACGATCGTCATCAATCATTTGATTTTCAATTTGACACCGGAGAGTAGATACAAATACA	675
Db	2994	TGTCAATCAAGGCATCAATTTTGAAGTTTCAATTTGATACCGGAGACATGATCTGTGCAA	3053
OY	676	AATGTAGATATGATGCTTATTAATAATTTCTAATCCAGATGATACGTTACAGTAGAGG	735

DB 3054 GATTTGGGATTTGGGTATCTTCAAAATCTGTGCCACAGATGTTACCGCAAGCTTAAGT 3113  
QY 726 AATCTAGAAAGTCATTGGAAGAGACCACTAACAGGTGAAGCATTTGGCATGTGAACA 795  
DB 3114 GATTTGGAAGTATGGAAGAGAGCGCTGGGTGTGGAAGCATTTAGAACTTGTCAAGAA 3173  
QY 796 AAGGAAAAAATGGAACACACATGAGGAAAAAAGCTTTGGGAAACAAACAAGCTT 855  
DB 3174 AAGGAAAAAATGGAAGATGAGAGAGAGACACTGTTTGCMAAGCAAAATAT 3233  
QY 856 GATTCAGCAAAACAGGCTGTAGATGCAATTATTACAA-----TGACAAAGATTAC 909  
DB 3234 GATGGGCGAAACAGCGGTGATGGGCTTATTCACAAACAGCGCTATGAAAAATTGAAG 3293  
QY 910 TATCATATTACTTTAGATCATATTCAAAACGCTGATGACGTGTACAGTTCCTTAT 969  
DB 3284 TTGCAAAACAACATCTCCAAATATTTGTATGCTGATCATCTGTGACATGCTTCTTAT 3353  
QY 970 GTATACATTAATTTGTTACCGAATGCTCAGGTATGAACTATGATGATATCAAGTTA 1029  
DB 3354 GTATATTAATTAATGATGACCGAAGTTCCAGGTATGAACTTACGAATCTTATCAAGCTA 3413  
QY 1030 AACGACGTATCATGCAAGGTTATATTTATATGATGACGAATGTCAATTAACAATGGT 1089  
DB 3414 AACACTCTGCTCAGAAATCGTTCTATCTATATGACGAGCGAATCTGATTAATAATGGG 3473  
QY 1090 GACTTTACACAGATTACAGGATGACAGCAACAGAAATGCCGCTACACAAATG 1149  
DB 3474 CGCTTTAGCAATGGGCTTATGATGATGGCAGGCTACCCGCAATGACAGATGGAACAAAG 3533  
QY 1150 GATGAGCTTCAGTATTAATTTCTATCAATTTGAGGCGGGGATATCTCAAACTTGCT 1209  
DB 3534 TATGGAATCTGTATCTGCTGCTGCAATGGGATGCAATGTGTGCAAGATCTTTGT 3593  
QY 1210 GCTCAAGATCATCATGATATGTTAGTGTGATGTTGCCAAAAAAGAGACCTGGA 1269  
DB 3594 ATCGAACAAATCGCGTTATGATTTGCTGTCACGCGCAAAAGAAATCGGAGCT 3653  
QY 1270 GGGTATGTACGATGATGATTTGTATGGAAGCAGAAACATTAAGTTCACTTCTGC 1329  
DB 3654 GGCAATGTATCACTTCACTGATGATGTCGCAACATGTGACAGCTGAGCTTTACTTCTGC 3713  
QY 1330 GAAAGAG 1336  
DB 3714 GATATAG 3720

RESULT 7  
US-10-089-678-2  
; Sequence 2, Application US/10089678  
; Publication No. US20030017967A1  
; GENERAL INFORMATION:  
; APPLICANT: ASANO, Shinichiro  
; TITLE OF INVENTION: PROTEIN HAVING INSECTICIDAL ACTIVITY, DNA ENCODING THE PROTEIN,  
; FILE REFERENCE: Q68821  
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/089,678  
; CURRENT FILING DATE: 2002-05-02  
; PRIOR APPLICATION NUMBER: JP 2000-236140  
; PRIOR FILING DATE: 2000-08-03  
; PRIOR APPLICATION NUMBER: PCT/JP01/06660  
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 3  
; SOFTWARE: Patentin version 3.1  
; SEQ ID NO 2  
; LENGTH: 3504  
; TYPE: DNA  
; ORGANISM: *Bacillus thuringiensis*  
; FEATURE:  
; NAME/KEY: exon  
; LOCATION: (1)..(3501)  
; OTHER INFORMATION:  
US-10-089-678-2

Query Match 22.5%; Score 379; DB 5; Length 3504;  
Beet Local Similarity 56.7%; Pred. No. 25e-75;  
Matches 839; Conservative 0; Mismatches 555; Indels 87; Gaps 4;  
QY 22 AGTACGAAATATACCTTAAAAATAGAAAGCAGAGATTATGAATATGATCAACGGCCATT 81  
DB 2062 AGTAAAAAAGATGCTTACAGACAGATGTAACGAGATTATCAAGTAAATCAACGGCCAAAC 2121  
QY 82 TCTATGAATGTATGTCAATGAAACAAATCTCAGAAAAAATAATGTTATGGAATGA 141  
DB 2122 TTAGTGAATGCTTATCCGATGATGATATACCAATGAAAAAGAAATGTTATGGAATGA 2181  
QY 142 ATAAAAAGGCAAAACACTTATGATGATCTGCTATATCTATCCAAAAATGGAACCTTTCT 201  
DB 2182 GTGAAAGGCGCAACGACTGTTTGAAGCAGTAATCTCAAGATACAGGCTTTTAT 2241  
QY 202 GGAATGAT-----TGACATTCGGTAAATGATATATCATAGATCCAAATAT 249  
DB 2242 AGGATTAATGCAAAACGATGACGGGAAGTACGGAATGAGGTTGCCGAGAGAT 2301  
QY 250 CCTATTTTAAAGAAAAATTTCTACAGATGCGGTGAGACAGACATATATGAACTCTA 309  
DB 2302 GTTCTGTTAAAGATCGTTCGCTTGTGACAAAGTGGAGAGATGATACAGAAACA 2361  
QY 310 TTTCCAACTTATCTGTCAAAAAATAGATGCTTAAATTTAAACATATACAGTTAT 369  
DB 2362 TATCCACGTATCTTATCAACAAATAGATGATCACTTTTAAACATATACAGATAT 2421  
QY 370 CGAGTAAAGGTTGTGGAGATGATGAAGATTTGAATTAATGATGAACGTTACGGG 429  
DB 2422 AAATTAAGGTTTATAGAAAGTATGCAAGATTTAGAGATTAATTAATAGCTATCGG 2481  
QY 430 AAGAAATGATGATCATGATGATGTTCCAAATGATTTGGCTTATATGACGCTATCT 489  
DB 2482 GCAAAATCAATGTCAAAAATGATACAGATATCTCTGCAAGTATCTCCTGTCAT 2541  
QY 490 TCAATGAGATTAATCGCTGCAATCATGCTCTCAATATGATGACCAAGGATCTCTACA 549  
DB 2542 TCTTGTGTGGATGATGATGCTGCAAGTGAACAGTATG----- 2582  
QY 550 CCAACAGATGATATGCTCCGATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 609  
DB 2583 -----AAGCGCAATTTAGCACTGAAACAAATGGAATGGA 2622  
QY 610 GTGAATGTCAGATGTCATCATTTGATTTTCAATTTGACACCGGAAAGTATGATACA 669  
DB 2623 AATATGCTTGTGATTTCCATCATTTTCTTCCATATGATGATGATGATGATGATGAT 2682  
QY 670 AATACAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 729  
DB 2683 AATGAAATATACGAAATTTGGTGTGATTTAAATTTCCACAAACAAATGATATCGCA 2742  
QY 730 GTAAGGAATCTGAAGTATGGAAGAGGACACTAACAGTGAAGCATTTGACATGTG 789  
DB 2743 CTAGGAATCTTGAATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2802  
QY 790 AAGCAAAAGGAAAGAAATGGAACACACATGAGGAAAAAAGCTTTGGGAAACACAAACA 849  
DB 2803 CAAACAAAGAACAAACAAATGGAAGACAAATGGAAGAAAAAGTGGGCAATCAGAAAAA 2862  
QY 850 GCTATGATCAGCAAAACAGGCTGTAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 909  
DB 2863 GCATATTAAGCAGCAAGCAACCAATGATCTTTATTTGCAAGATTAATCAAGCCAAAA 2922  
QY 910 TATCATATTACTTTGA-----TGATATCAAAACGCTGATGATGATGATGATGATGAT 963  
DB 2923 CTTAATTTCTGTGTGAATGTCAGATATGTTGGCAGCCCAAAACCTTGTACAGTCAAT 2982  
QY 964 CCTATGATATACCATTAATTTGTTTACGAAATGCTCAGAGTATGATGATGATGATGATGAT 1023  
DB 2983 CCTAGATATATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3042





DB 4241 ATGGCTATGTGCAATCCCTGACTGTGCAATCATATTGATGCTTGCATTAGTTCCT 4300  
QY 1328 GCGA-----AGAGGATATATGACAAAACAGTNG 1357  
DB 4301 GTGATTCAGGTTTCACTACTTCTTCTATGAAATGACACCTATGTATCAAAAACGTTAG 4360  
QY 1358 AGGTATTCACGAAAGTGTGCTGTACGATTGAAATAGAGAAACCGAAGGTACATTTT 1417  
DB 4361 AATTTTCCCATATCCCATCAATTCGATTGAAATCGCGCAAAACCGAAGTACGTTT 4420  
QY 1418 ATATAGATGACATGCAATGCTTGTGATGCAAG 1450  
DB 4421 ATGTAGAAAGTGTGACCTTAATTCGAATGAGAG 4453

RESULT 10  
US-10-345-020-3  
; Sequence 3, Application US/10345020  
; Publication No. US20030150018A1  
; GENERAL INFORMATION:  
; APPLICANT: Jana, Wojciechowska  
; APPLICANT: Evgeny, Lewitin  
; APPLICANT: Ludmila, Revina  
; APPLICANT: Igor, Zalunin  
; APPLICANT: Galina, Cheslukhina  
; TITLE OF INVENTION: NOVEL DELTA-ENDOTOXINS AND NUCLEIC ACID SEQUENCES CODING THEREFOR  
; FILE REFERENCE: S-30913B  
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/345,020  
; PRIOR FILING DATE: 2003-01-15  
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/175,158  
; PRIOR FILING DATE: 2000-01-07  
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 5  
; SOFTWARE: PatentIn version 3.0  
; SEQ ID NO 3  
; LENGTH: 4896  
; TYPE: DNA  
; ORGANISM: *Bacillus thuringiensis*  
; FEATURE:  
; NAME/KEY: source  
; LOCATION: (1)..(4896)  
; OTHER INFORMATION: *Bacillus thuringiensis* subsp. *finitimus* strain VPM B-1161 (taxon  
; OTHER INFORMATION: :29337  
; FEATURE:  
; NAME/KEY: CDS  
; LOCATION: (1129)..(4458)  
; OTHER INFORMATION: product: Cry28Aa1 delta-endotoxin  
; PUBLICATION INFORMATION:  
; AUTHORS: Wojciechowska, et al.  
; TITLE: Two novel delta-endotoxin gene families cry26 and cry28 from *Bacillus*  
; ; *thuringiensis* ssp. *finitimus*  
; JOURNAL: FEBS Lett.  
; VOLUME: 453  
; ISSUE: 12  
; PAGES: 46-48  
; DATE: 1999-06-18  
US-10-345-020-3

Query Match 18.6%; Score 313; DB 6; Length 4896;  
Best Local Similarity 54.9%; Pred. No. 2.8e-60;  
Matches 809; Conservative 0; Mismatches 595; Indels 69; Gaps 7;

QY 26 CGAAAAATACGTTAAATATAGAAAGACAGATTATGAAATGATCAAGCGGCATTTCTA 85  
DB 3002 CAACAAAGCTTTGAAATGACGTAACCTGATTATCATTGATCAAGTGGCAACTTAG 3061  
QY 86 TAGATGTATGTACATGAACAAATCTCAGAGAAAAATATGTTATGGATGAATTA 145  
DB 3062 TAGATGTATGTACGACGACCTATATGCAAGGAAAAATTAATTTACTCATGTATTA 3121  
QY 146 AACTGCAAAACCACTTATGTCAGTCTCGTAATCTTACCCAAAATGAGACTTT----- 198  
DB 3122 AATTCGCAAAACAAATTGAGTCAAGCAGCAAAATCTATATCCGATCCGAATTTTAAATC 3181

QY 199 -----TCGGAGATGATGCAATTGCGTATGATATATATCATAGATCAATATCCTA 253  
DB 3182 TAAACGCGAAATATGTTGGACAGCAATTAAGGTGTCATATCATGGAAGAACCAT 3241  
QY 254 TTTTAAAGAAAATTTCTACAGATGCGTGAGACAGACATATATGAACTCTATTTTC 313  
DB 3242 TGTATAAAGGCGGTGCTATTCATTTATCAGCCGAGAGGATGAAAA-----CTTTC 3292  
QY 314 CAACCTATATCTGCAAAAAATAGATGCTAAATTAATTAACATATACGTTATGAG 373  
DB 3293 CAACCTATCTATACCAAAAAATAGATGATCTTATTAACCTTATACGTTATCAAC 3352  
QY 374 TAAAGGGTTTGTGGGAAGTATGAAAGTTTGAATTAATGTTAAACGTTACCGGAAAG 433  
DB 3353 TAAAGGATTTGTAAAGATGATGATTAAGAACTCGATTTGTAAGCTACGG---G 3409  
QY 434 AAATTTGATCTATCATGATGATGTTCCAAATGATTTGGCTATATGCAACCTTTCAT 493  
DB 3410 CAACGACATTTGATATGAAATGTCGCCGCGACCTTG---AAATCCTCAGTTACTGCGC 3466  
QY 494 GTGAGATTAATCGCTGTGAATCATCGTCTCATGTATGAGCCAAAGGTATCTACACAA 553  
DB 3467 CTATCAATCCTGTGAGGAAATAGAAACACGCTTATGATCTACTGTGTGCGC----- 3520  
QY 554 CAGATGATATGCTCCGATATGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 613  
DB 3521 TTGATCGTTTAAAGCAATCCAAATTTATGTAATTAAGCTGACGATGTAAGGCTGATCAAG 3580  
QY 614 AGTGCAGATCGTATCATCTATTTGATTTGATGACCGGAAAGTATGATCAATA 673  
DB 3581 TGAATGAGATCCACAGCATTTTCATTCATATTTGATGACGATTAAGGATTAATA 3640  
QY 674 CAAATGTAGTATGATGATGATTTTAAATTTCTAATCCGATGATACGTTACAGTAG 733  
DB 3641 GAAATTTAGGATTTGATTTATTTTAAATTTGACACGACGCGCTATGCAACTTTTCG 3700  
QY 734 GGAATCTGAGATGATGAAAGAACCACTTAAGGATGAAAGATGGAATGGAATGGAAC 793  
DB 3701 GTATCTGAAATTTGATGAAATTTGGACCATTTATCTGAGAAAGCTTATGACAAATGACAC 3760  
QY 794 AAAAGAAAAGAAATGGAACCAACATGAGAAAAAAGTTGGAAAAACCAACACGCT 853  
DB 3761 GGAAGAAACAAAAATGGGGAAAAAACAACCCAAAAAAGGAAGAGCTCAAAATTTAT 3820  
QY 854 ATGATCCAGCAAAACAGGCTGATATGATGATTTTACAAATGAAACAG-----AGTTAC 907  
DB 3821 ATGACGCTGCAAAACCAATTAATCAATTAATTCGCGATTCACAAAGTACAAATTTAA 3880  
QY 908 ACTATCATATTACTTTAGATCATATTCMAAACGCTGATGCACTGTAACGTGATTCCT 967  
DB 3881 GATTGATACGAATTTCCCAATATTTTATCGCAGATTAACCTGTCTATAAATTTGAG 3940  
QY 968 ATGTATACCAATATTTGTTACCGAATGCTCGAGTATGAATGATGATATCAAGAT 1027  
DB 3941 ATGTATATAGGAATTTATCTGTATCCAGGATTAATATGATTTATTTATGAAAC 4000  
QY 1028 TAAACGACGTTATGATGAGGTTATATTTATGATGACGAAATGTCATTAACAATG 1087  
DB 4001 TTGAAATAGAAATTCAGAAATGCAATGATTTATATGACGCTCGAAATACCGTGAATG 4060  
QY 1088 GTGACTTTACCAAGGATTTACAGGATGGCAGCAACGAAAGGAAATGCGCGGTACACAA 1147  
DB 4061 GGGAGTTTAAATGTTGTTGGCGAATTTGATGCTTATCAATATACGAATTAAGCCAA 4120  
QY 1148 TGAATGAGCTTCAATATTTATTTATCAATTTGAGACGCGGGGTATCTCAAAACTTGC 1207  
DB 4121 TCAGGCAATCGGTGTTGATCTCTAGGCTGGAATGGCAGATGCAAACTCTGA 4180  
QY 1208 ATGCTCAAGATCATGATGATATGTTAGTGTGATTTGCCAAAAAGAGACCTGGAA 1267  
DB 4181 ATGTGAAACCTGATCATGAGTATGATATTAAGTGTATACGCAAGCAAAAAAGAGAAATGGTA 4240









APPLICANT: YOKOYAMA, Tomoko  
APPLICANT: AOYAGI, Motichi  
APPLICANT: HASEGAWA, Makoto  
APPLICANT: EHARA, Gaku  
APPLICANT: KIMURA, Masaharu  
APPLICANT: NISHIHASHI, Hideji  
TITLE OF INVENTION: Polypeptide having larvae growth inhibiting or  
TITLE OF INVENTION: insecticidal effect on scutabaeidae insects and  
TITLE OF INVENTION: polynucleotide encoding the same  
FILE REFERENCE: OP135  
CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/091,654  
CURRENT FILING DATE: 2005-03-29  
PRIOR APPLICATION NUMBER: JP 2001-115754  
PRIOR FILING DATE: 2001-04-13  
PRIOR APPLICATION NUMBER: JP 2001-203463  
PRIOR FILING DATE: 2001-07-04  
NUMBER OF SEQ ID NOS: 22  
SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.0  
SEQ ID NO: 17  
LENGTH: 4359  
TYPE: DNA  
ORGANISM: Bacillus popilliae  
FEATURE:  
NAME/KEY: CDS  
LOCATION: (250)..(4245)  
US-11-091-654-17

Query Match 18.2%; Score 306.4; DB 10; Length 4359;  
Best Local Similarity 55.4%; Pred. No. 8.3e-59;

Matches 817; Conservative 0; Mismatches 516; Indels 141; Gaps 6;

QY 1 GTGAGTCTATGTTTCAAGTACGAAATACCTTAAATAGAAACGACAGTTAT 60  
DB 2203 GTGAACCAATTTTTCACAGATGATCGAAAAAGCCCTAAAGACACGACGATTTAT 2262  
QY 61 GAAATAGATCAACGCGCCATTTCTATAGATGATGTCAGTAAACAAATCCTCGA 120  
DB 2263 GAGATTTGATCAAGCCGCAACCTGAGATTGTATTCGATG--AGTGTGACATGAG 2319  
QY 121 AAAATATGTTATGAGATGAAATAAACCTGCAAAACAACTTAGTCTCTGTAATCTA 180  
DB 2320 AAAATGATCTGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2379  
QY 181 CTCCTCAATGAGACTTTCT-----CGAATGATGACA 216  
DB 2380 CTGCTCAATGAGGAAATTCGATGATCTATATCCAGCTCTGAGAGGAGATCCATGAAA 2439  
QY 217 TTCGATATGATATTTATCAATGATCCATTAATCTATTTTAAAGAAATTTCTACAG 276  
DB 2440 ACAAGTCCGAAATGTTACATCCGTCAAGATTAACCCGATTTTAAAGCCATTAATCTCAGT 2499  
QY 277 ATGCGTGAGACAGACATATATGAGAC-----TCTATTTTCAACTATATCTGCA 330  
DB 2500 ATGCGCGGTGCGAAGATATCGAGGCGCACCAATGATAGCTTCCCGCATGTATGATCA 2559  
QY 331 AAAATAGATGATCTAAATTTAAACCATATACAGTTATCGAGTAAAGAGGTTTGTGGA 390  
DB 2560 AAAATAGATGAGACCAATTTAAAGCATATACAGGTATTAAGTGTGCGGGTTTGTGCG 2619  
QY 391 AGTAGTAAAGATTTGAAATTAATGTAACGTTAGGAGAAAGAAATTAATGCTATCAG 450  
DB 2620 ACACGAAAGATCTGAGCTGTGTTACACGCTATTAATGAAGAAATTAATGAGATTTA 2679  
QY 451 AATGTTCAATGATTTGGCTATATGACGCTTAATCTTCAATGTGAGATTAATCGCTGT 510  
DB 2680 GATGTACCGGATATATCCGCGATGCGCGACCTCTGTGCGGTGAATTTGATGATGC 2739  
QY 511 GAATCATGCTC-----TCAATGTTGAGCCAAAG----- 539  
DB 2740 AAGCCCTATTCATATCACCCTTATCTTCAGAAATGTAACCTGATTTAATCAAGATG 2799  
QY 540 ----- 539

DB 2800 CAACCATCTCTTGGCCACCAATCAGATGATGATGATTAACAATACATGAACGAGCAG 2859  
QY 540 -----GTATCTTACACCAACAGATGATATGCTCCGATATGATGATGATGATG 588  
DB 2860 AGTACTACCATGAATCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2919  
QY 589 CAAATATGATGATGAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 648  
DB 2920 AGTGAATTCGCGAAGAACATGCAAAATGTCATCAAGCGCATCAATTTGATTCACAT 2979  
QY 649 GACACCGGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 708  
DB 2980 GATACCGGACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 3039  
QY 709 AATCAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 768  
DB 3040 GCCACAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 3099  
QY 769 GGTGAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 828  
DB 3100 GTGAAAGCTTATGAACTTGTCAAGAAAGAAAGAAAGAAAGAAAGAAAGAAAGAAAG 3159  
QY 829 AAACGTTGGGAAACACAAACAGCTATGATCCAGCAAAACAGCTGATGATGATGATGAT 888  
DB 3160 CACTGTTCGCAACCAACCAATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 3219  
QY 889 ACAA-----TGAAACAGATTAACATATCATATTAATTTAGATCATTTCAAAACGT 942  
DB 3220 ACAAAACAGCGCTATGAAATTTGAAGTTGCAAAACCAATTTCTGACATTTTGTATGCT 3279  
QY 943 GATGACGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1002  
DB 3280 GATCATCTGTCAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 3339  
QY 1003 ATGAATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1062  
DB 3340 ATGAATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3399  
QY 1063 GATGACGAAATGTCATTAACAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1122  
DB 3400 GACGACGGAATCTGATTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 3459  
QY 1123 ACAGAAATCCGCGGTACAAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1182  
DB 3460 ACCCGCATGACAGATGAGCAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3519  
QY 1183 ACAGCGGGGATCTCAAAATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1242  
DB 3520 GATGCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 3579  
QY 1243 ATTGCCAAAAAGAGACCTGGAAGAGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1302  
DB 3580 ACAGCGGAAAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3639  
QY 1303 CAGGAAACCTTAAGTCACTTTTCCGGAAGAG 1336  
DB 3640 GTGACCAAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3673

Search completed: February 15, 2006, 06:38:51  
Job time : 1457 secs

**This Page Blank (USP)**

GenCore version 5.1.7  
Copyright (c) 1993 - 2006 Bioacceleration Ltd.

OW nucleic - nucleic search, using sw model

Run on: February 15, 2006, 04:36:51 ; Search time 743 Seconds  
(without alignment)  
2076.406 Million cell updates/sec

Title: US-10-781-979-6

Perfect score: 1686

Sequence: 1 gtagagctcattgcttacaag.....atcaagatataaccgttaa 1686

Scoring table: IDENTITY NUC  
Gapop 10.0 , Gapept 1.0

Searched: 6247088 seqs, 457523669 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters: 12494176

Minimum DB seq length: 0

Maximum DB seq length: 200000000

Post-processing: Minimum Match 0%  
Maximum Match 100%  
Listing first 45 summaries

Database : Published Applications NA New:\*

1: /cgn2\_6/ptodata/2/pubpna/US08\_NEW\_PUB.seq:\*  
2: /cgn2\_6/ptodata/2/pubpna/US06\_NEW\_PUB.seq:\*  
3: /cgn2\_6/ptodata/2/pubpna/US07\_NEW\_PUB.seq:\*  
4: /cgn2\_6/ptodata/2/pubpna/PCT\_NEW\_PUB.seq:\*  
5: /cgn2\_6/ptodata/2/pubpna/US09\_NEW\_PUB.seq:\*  
6: /cgn2\_6/ptodata/2/pubpna/US10\_NEW\_PUB.seq:\*  
7: /cgn2\_6/ptodata/2/pubpna/US10\_NEW\_PUB.seq1:\*  
8: /cgn2\_6/ptodata/2/pubpna/US11\_NEW\_PUB.seq:\*  
9: /cgn2\_6/ptodata/2/pubpna/US11\_NEW\_PUB.seq2:\*  
10: /cgn2\_6/ptodata/2/pubpna/US11\_NEW\_PUB.seq3:\*  
11: /cgn2\_6/ptodata/2/pubpna/US11\_NEW\_PUB.seq4:\*  
12: /cgn2\_6/ptodata/2/pubpna/US60\_NEW\_PUB.seq:\*

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a  
score greater than or equal to the score of the result being printed,  
and is derived by analysis of the total score distribution.

## SUMMARIES

Result No.	Score	Query Match	Length	ID	Description
1	384.2	22.8	4359	US-11-091-643-3	Sequence 3, Appl
2	312.8	18.6	4366	US-11-091-643-19	Sequence 17, Appl
3	306.4	18.2	4359	US-11-091-643-17	Sequence 1, Appl
4	302.6	17.9	3621	US-11-058-727-1	Sequence 1, Appl
5	302.6	17.9	3621	US-11-108-389-1	Sequence 1, Appl
6	302.6	17.9	3621	US-11-224-624-1	Sequence 3, Appl
7	302.6	17.9	3633	US-11-058-727-3	Sequence 3, Appl
8	302.6	17.9	3633	US-11-108-389-3	Sequence 3, Appl
9	302.6	17.9	3633	US-11-224-624-3	Sequence 3, Appl
10	302.6	17.9	4874	US-11-058-727-17	Sequence 17, Appl
11	302.6	17.9	4874	US-11-108-389-17	Sequence 17, Appl
12	302.6	17.9	4874	US-11-224-624-17	Sequence 17, Appl
13	302.6	17.9	6613	US-11-058-727-18	Sequence 18, Appl
14	302.6	17.9	6613	US-11-108-389-18	Sequence 18, Appl
15	302.6	17.9	6613	US-11-224-624-18	Sequence 18, Appl
16	302.4	17.9	4188	US-11-091-643-5	Sequence 5, Appl
17	295.2	15.4	4119	US-11-070-575-4	Sequence 4, Appl
18	259.4	15.4	3531	US-11-226-943-9	Sequence 9, Appl
19	259.4	15.4	3531	US-11-226-943-11	Sequence 11, Appl
20	259.4	15.4	3531	US-11-226-943-13	Sequence 13, Appl
21	259.4	15.4	3534	US-11-226-943-25	Sequence 25, Appl

22	259.4	15.4	3534	US-11-226-943-27	Sequence 27, Appl
23	258.8	15.3	3579	US-11-226-943-29	Sequence 29, Appl
24	239.8	14.2	3546	US-10-755-092-27	Sequence 27, Appl
25	238.6	14.2	3534	US-11-226-943-33	Sequence 33, Appl
26	217.4	12.9	3547	US-10-755-092-16	Sequence 16, Appl
27	185	11.0	3468	US-10-755-092-17	Sequence 17, Appl
28	185	11.0	3468	US-10-755-092-8	Sequence 8, Appl
29	167.6	9.9	3546	US-10-755-092-10	Sequence 10, Appl
30	164.2	9.7	3546	US-10-755-092-12	Sequence 12, Appl
31	152.8	9.1	402	US-11-091-643-1	Sequence 1, Appl
32	79.6	4.7	3624	US-10-755-092-6	Sequence 6, Appl
33	68.2	4.0	3546	US-10-755-092-14	Sequence 14, Appl
34	66.6	4.0	3468	US-10-755-092-4	Sequence 4, Appl
35	65	3.9	3468	US-10-755-092-2	Sequence 2, Appl
36	47.4	2.8	3143	US-11-165-819-9	Sequence 9, Appl
37	47.4	2.8	3143	US-11-165-819-29	Sequence 29, Appl
38	44.4	2.6	201	US-11-124-167A-26061	Sequence 26061, A
39	44	2.6	1811	US-11-049-348-2	Sequence 2, Appl
40	42.8	2.5	7023	US-11-052-554A-554	Sequence 554, App
41	42.6	2.5	8607	US-10-240-708-71	Sequence 71, Appl
42	42.2	2.5	1065	US-11-189-817-1	Sequence 9, Appl
43	42	2.5	200	US-11-098-686-5869	Sequence 5869, Ap
44	42	2.5	3309	US-11-098-686-9606	Sequence 9606, Ap
45	42	2.5	1457619	US-11-098-686-8739	Sequence 8739, Ap

## ALIGNMENTS

## RESULT 1

US-11-091-643-3	Sequence 3, Application US/11091643
;	Publication No. US20050246789A1
;	GENERAL INFORMATION:
;	APPLICANT: TANAKA, Masao
;	APPLICANT: YOKOYAMA, Tomoko
;	APPLICANT: AOYAGI, Moriochi
;	APPLICANT: HASEGAWA, Makoto
;	APPLICANT: EHARA, Gaku
;	APPLICANT: KIMURA, Masaharu
;	APPLICANT: NISHIHASHI, Hideji
;	TITLE OF INVENTION: Polypeptide having larvae growth inhibiting or
;	TITLE OF INVENTION: insecticidal effect on scarabaeidae insects and
;	TITLE OF INVENTION: insecticidal encoding the same
;	FILE REFERENCE: OP1335
;	CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/091,643
;	CURRENT FILING DATE: 2005-03-29
;	PRIOR APPLICATION NUMBER: JP 2001-115754
;	PRIOR FILING DATE: 2001-04-13
;	PRIOR APPLICATION NUMBER: JP 2001-203463
;	PRIOR FILING DATE: 2001-07-04
;	NUMBER OF SEQ ID NOS: 22
;	SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.0
;	SEQ ID NO 3
;	LENGTH: 4359
;	TYPE: DNA
;	ORGANISM: Bacillus popilliae
;	FEATURES:
;	NAME/KEY: CDS
;	LOCATION: (282)..(4229)
;	US-11-091-643-3
Query Match	22.8%; Score 384.2; DB 10; Length 4359;
Best Local Similarity	58.0%; Pred. No. 2.7e-76;
Matches 805; Conservative	0; Mismatches 528; Indels 54; Gaps 5;
OY	1 GTGATCCTATGTTTACAGTAGTACGAAATATGTTAAATGAAACGACATTTAT 60
DB	2337 GTGAACCAATTTGTTTACAGTAGATGAAAGGCGCTAAAGAAAGCGACGACATTTAT 2396
OY	61 GAATATGATCAAGCGCGCATTTCTATGATGTATGTGATGATGAACAAATCTCAGGAA 120
DB	2397 GAGATCGATCAAGCGCGCAACCTGCTGATTTATATCGAATG---AGTGTGACATGAG 2453

```

Qy 121 AAAATAGTATGAGTAAATTAACAGGCAAAACAATTAGTCTCTGTAATCTA 180
Db 2454 AAAATGATCTGTAGATGAATAATATGCAAAACAATCAGCAAGCCGCAATTGA 2513
Qy 181 CTCGAAAATGAGACTTTTCT-----GGGAATGATTGACA 216
Db 2514 CTGCTCAATGGGAATTTGATGATCTATATCCAGCTCGAAGAGGAATTCATGAAA 2573
Qy 217 TTCGTAATGATATTTATCATAGATCCAAATACTATTTTAAAGAAAATTTCTACG 276
Db 2574 ACAAGTCGCGATGTACATCCGTCAGATAAACCGATTTTAAAGGCATATCTCAGT 2633
Qy 277 ATGGGTGAGACAGAGATATATGSAAC-----TCATTTCCAACTATATCTGTCAA 330
Db 2634 ATGGCGGTGGAACGATATATGAGGCCAACATGATACCTTCCCACTATGTCTATCA 2693
Qy 331 AAAATAGTATGATCTAAATTAATAACATATACAGTTATCGATGAAGAGGTTGTGGA 390
Db 2694 AAAATAGCGAAGCCAAATTAAGCCATATACAGCTATTAAGTCGGGGTTGTGTGT 2753
Qy 391 AGTAGTAAAGATTGAAATTATGTGTAACAGTTACGGGAAAAGAAATGATGCTATCATG 450
Db 2754 AGCAGCAAAAGCTCTAGAGCTGTGTGTAACAGCTATTAATGAAGAGTGAATGCGATTTTA 2813
Qy 451 AATGTTCCAAATGATTTGGCCTATATGAGCCTAATCTTCATGTGAGATTTATGCGCTG 510
Db 2814 GATGTAACCGATATATCTCCGATGCGCCGACTCTGTCTGCGGTGAATTTGATGATGC 2873
Qy 511 GAATCATCTGTC-----TCAGTATGTGACCCAAAGGGTATCTTACACCAACA 555
Db 2874 AAGCCATATTTGTATCCACTTTACTTCAGATGTAACCTGAGTTTATAATCAGATG 2933
Qy 556 GATGATATGCTCCCGATATGTATGATGCCCCGAAATATATGATGAAGAGATGTAG 615
Db 2934 CAACCATCTCTTGGCCACCAATCAGATGATGTCGATTAACAATACAGAAAACACGCAAA 2993
Qy 616 TGTACAGATGCTCATTCATTTGATTTTCAATATTTGACACGGGAAAGTGAATCAAAATCA 675
Db 2994 TGTCAATCAGGCGCATATTTGAGTTCCATATGTTACCGGGAACATGATCTGTGCA 3053
Qy 676 AATGTAGTATTTGATGTCTTATTAATAATTTCTAATCCAGATGTAACGCTACAGTAGG 735
Db 3054 GATTTGGCATTTGGGTGATCTTCAAAAATCTGTGCAAGATGTTAGCAAGCTTAAT 3113
Qy 736 AATCTAGAATCTATTTGAAGAAAGACCTAAACGCTGAAGCAATTTGGCAATGTGAACA 795
Db 3114 GATTTGGAATGATTTGAAGAAAGAGCGCTGGGTGTGCAAGCATTAAGAACTTGTCAAGAAA 3173
Qy 796 AAGGAAAAGAAATGGAACAACAATGGAATAAAAGTTGGGAAAACAACAAGCTTAT 855
Db 3174 AGAAGAAAAGAAATGAGACATCAAGAGAGAGCACTGTGTGCAACCAACAACAATAT 3233
Qy 856 GATCAGCAAAAACAGGCTGTATGATGATTTTACAA-----TGAACAAGATTACAC 909
Db 3234 GATCGGCGCAAAACAGCGGTATGCGTTATTCACAAACAGCGCTATGAAAATGTAAG 3293
Qy 910 TATCATATTTACTTTAGATCATATTTCAAAACGCTGATGCACTGTGTACATGCTTCCAT 969
Db 3294 TTTCAAAACAAACATCTCAATATTTTGTATGTCATCTCTGTGCACTGATTCCTTAT 3353
Qy 970 GTATACCTTAATTTGTTACGAAATGCTCAGGTAATGAAGTATGATATCAAGAGTTA 1029
Db 3354 GTATATTAATTAATATATACCGGAAGTTCAGGTAATGAATTAAGAACTTATACAGAGCTTA 3413
Qy 1030 AACCAAGTATCATGCAAGGTTATTAATTAATTAATGATGCAAGAAATGTCAATGAT 1089
Db 3414 AAGACTCTGTTCAAGATGCGTTCTATATATATGCAAGCGGAATCTGATTAATAATGGG 3473
Qy 1090 GACTTTACACAAGATTACAGGATGCAACGCAACAGAAATGCCGCGTACACAAATG 1149
Db 3474 CGCTTTAGCAATGGGCTTATGATTTGGCAGGCTACCCGCAATGCAAGATGAACAAAGAA 3533

```

```

Qy 1150 GATGAGCTTCAGTATTAGTTCTATCAATTTGAGCGCGGGGTATCTCAAACTTCAT 1209
Db 3534 TATGAGAAATCTGATCTGCTGCTGCCAAATTTGGATGCAATGTGTGCAAGATCTTGT 3593
Qy 1210 GCTCAAGATCATCATGATATGTTGTTACGTGTGATTGCCAAAAAAGAGAGCTGAAAA 1269
Db 3594 ATGACACAAATCCGGTTATGATGTGCTGTGCAAGGCAAGAAAGAAATCCGGAGCT 3653
Qy 1270 GGGTATGTAAGATGATGATGTTGTAATGGAAGCAAGAAAACATTAGTTCATCTTGC 1329
Db 3654 GGCATGTATACCTTCAGTGTGACTGTGCAACCAATGTGCAACAGCTTACTTCTTGC 3713
Qy 1330 GAAGAAG 1336
Db 3714 GATATAG 3720

RESULT 2
US-11-091-643-19
; Sequence 19, Application US/11091643
; Publication No. US20050246789A1
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: TANAKA, Masao
; APPLICANT: YOKOYAMA, Tomoko
; APPLICANT: AOYAGI, Morichi
; APPLICANT: HASEGAWA, Makoto
; APPLICANT: EHARA, Gaku
; APPLICANT: KIMURA, Masaharu
; TITLE OF INVENTION: NISHIHASHI, Hideji
; TITLE OF INVENTION: Polypeptide having larvae growth inhibiting or
; TITLE OF INVENTION: insecticidal effect on scarabaeidae insects and
; FILE REFERENCE: OP1335
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/091.643
; PRIOR FILING DATE: 2005-03-29
; PRIOR APPLICATION NUMBER: JP 2001-115754
; PRIOR FILING DATE: 2001-04-13
; PRIOR APPLICATION NUMBER: JP 2001-203463
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 22
; SOFTWARE: Patent In Ver. 2.0
; SEQ ID NO 19
; LENGTH: 4366
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Bacillus popilliae
; FEATURE:
; NAME/KEY: CDS
; LOCATION: (224)..(4255)
US-11-091-643-19

Query Match 18.6%; Score 312.8; DB 10; Length 4366;
Best Local Similarity 55.7%; Pred. No. 2e-60;
Matches 821; Conservative 0; Mismatches 512; Indels 141; Gaps 6;

Qy 1 GTGAGTCTTATGTTTACAGTAGTACGAAAAATAGTAAATAATAGAAAGACAGATAT 60
Db 2213 GTGAACATTTGTTTACAGATGATTCGAAAAGCGCTAAAGAAAGACAGACGATTTAT 2272
Qy 61 GAATTAATCAAGCGGCAATTTCTATAGAAATGATGTCAAGTGAACAAAATCTCAGAA 120
Db 2273 GAGATTATCAAGCGGCAAGCTGTAGATTTGATATCGGATG---AGTGTGACATGAT 2329
Qy 121 AAAATAGTATGTAATGGAATAATTAACAGTGAACAACTTAGTCAAGTCTGTAATCTA 180
Db 2330 AAAATGATCTCTGTAGATGAAGTAATAATGCAAAACACTCAGCCAAAGCCGCAATTTA 2389
Qy 181 CTCGAAAATGAGACTTTTCT-----GGGAATGATTGACA 216
Db 2390 CTGCTCAATGGGAATTTGATGATCTATATTTCAAGCTCGAAGAGGAATTCATGAAA 2449
Qy 217 TTCGTAATGATATTTATCATAGATCCAAATACTATTTTAAAGAAAATTTCTACAG 276
Db 2450 ACAAGTCGAATGTTAGATTCGATCCAGATTAACCCGATTTTAAAGCCATATCTCAGT 2509

```

```
OY 277 ATGCGTGAGCAGCAGCATATATGGAAC-----TCTATTTCCAACTATATCTGTCAA 330
DB 2510 ATGGGGGTGGCGAAGCATATCGAGGCCAACATGATACCTTCCCACGATATCTATCAAC 2569
OY 331 AAAATAGATGAGTCAAAATTAAACCATATACGTTATCGAGTAAGAGGGTTGTGGGA 390
DB 2570 AAAATAGACGAAGCCAAATTAAAGCGTATACGTTATAAAGTCGGGGTTGTGGGC 2629
OY 391 AGTAGTAAGATTTGAAATTAATGTTAACACGTTACGGGAAGAAATGATGCTATCATG 450
DB 2630 AGCAGCAAAAGCTCTAGAGCTGTGTTACAGCCTTAATAGAGAAAGTTGATCGATTTTA 2689
OY 451 AATGTTCCAAATGATTTGGCCTTATATGCAAGCTTAATCCTCATGTGGAGATTATGCTGT 510
DB 2690 GATGTACCGGATTAATATCCCGCATCGCCGACTCTGTCTGCGGTGAATTTGATCGATGC 2749
OY 511 GAATCATGCTC-----TCAGTATGTGAGCCAAAG----- 539
DB 2750 AAGCCCTATTCGTATCCACCTTTACTTCCAGATGTAAACCTTGAGTTTATAAATCAGATG 2809
OY 540 ----- 539
DB 2810 CAACCATCTCTTGGCAACCAATGAGATGTCGATTAACAATACATGAACAGAGCAG 2869
OY 540 -----GTATCTTACACCAACAGATGATATGCTCCCGATATGTATGCAATGCCG 588
DB 2870 AGTACTACCATGATATCTTACATGATATCTCCCTTACCCCTGAATACATCCAGCCAA 2929
OY 589 CAAATATATGATAGAAAGCATGTGAAGTGTCAAGATCGTCAATTCATTTGATTTTCAAT 648
DB 2930 AGTGAATTCGGCAAAACATGCAAAATGTCAAGCGCATCAATTTGAGTTCCACAT 2989
OY 649 GACACCGGAGATGATCAAAATACAAATGATGATGATGCTTATTAATAAATTTCT 708
DB 2990 GATACCGGAGCATGATTTGTCGAAGATTTGGGATTTGGGTATCTTCAAAATCTGT 3049
OY 709 AATCCAGATGATAGCTTACAGTAGGAATCTAGAAATGATGTAAGAGAACCACTACA 768
DB 3050 GCCACAGATGATACGCAAGCTTATAGATGATCTGAAGTATTTGAAGAGAACCGCTGAGT 3109
OY 769 GGTGAAGATTTGGCATGTCATGTAACAAAAGAAAGAAATGGAACCAACATCGAGAA 828
DB 3110 GTCGAAGATTTGAACCTTGTCAAAAAAGAAAGAAATGAGACATCAGAGAGAGCAG 3169
OY 829 AAACCTTGGGAAACACAAACAGCTTATGATCCAGCAAAACAGCGTATGATCATTTAT 888
DB 3170 CACTGTTCGCAAAACAAACAAATATGATGCGGCCAAACATGCGGTATGCGTTATTT 3229
OY 889 ACAAAATGAAC-----AAGAGTTACATATATTAATTTAGATCATATTCAAAACGCT 942
DB 3230 ACAAAACAAGCGCTATGAAAAAATTTGAAGTTTGAACCAACATTTCTGACATTTTGTATGCT 3289
OY 943 GATCGATGTTGATGATGCTGATTTCCCTATGTTATACATTAATTTGTTACCGGAATCTCAGCT 1002
DB 3290 GATCATCTCTGTCAGTCGATTTCTTATGTAATTAATAAATATGATCCGGAAGTTTCCAGGT 3349
OY 1003 ATGAATATGATGATATATCAAGAGTTTAAACGACGATCATGCAAGGTATATATTTAT 1062
DB 3350 ATGAATATGACACTATATCAGAGCTTAAACACATGTTCAAAATCCGTTTACCTGTAT 3409
OY 1063 GATGACGAAATGTCAATAAACAATGTTGACTTTTACACAGATTTACAGGAGATGGCAGCA 1122
DB 3410 GACCAAGCGGAATCTGATTTAAATATGAGCGCTTTAGCAATGGCTTATGATTTGGCAAGCT 3469
OY 1123 ACAGAAATGCGCGGTATAAACAATGATGAGCTTCAGTATTAAGTTTATCAAAATTTG 1182
DB 3470 ACTCTCATGCAAGATGAGCAAGAAATGAGAAATCGGTCTCTGTGTCGCAAAATTTG 3529
OY 1183 AGCGGCGGGATCTTCAAACTTGCAATGCTCAAGATCATGATGATGTTTACGTTG 1242
DB 3530 GATGCAATGTGTCCGAAGATCTTTGTATCGAACACAAATCGCGTTATGATTTGCGTGT 3589
```

```
OY 1243 ATTGCCAAAAAGAGCACTGGAAAGGATATGTAAGATGATGATTTGTAAGGAAG 1302
DB 3530 ACGGCAAAAAAGAGATCCGGAGCTGCAATGTTACTTTAGTACTGTGAATAATCAT 3649
OY 1303 CAGAAACACTTAAGTTCACTTCTTGGCAAGAG 1336
DB 3650 GTGCAACAGCTGAGCTTTACTTTTGGCATATAG 3683

RESULT 3
US-11-091-643-17
; Sequence 17, Application US/11091643
; Publication No. US20050246789A1
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: TANAKA, Masao
; APPLICANT: YOKOYAMA, Tomoko
; APPLICANT: AOYAGI, Moriochi
; APPLICANT: HASEGAWA, Makoto
; APPLICANT: EHARA, Gaku
; APPLICANT: KIMURA, Masaharu
; APPLICANT: NISHIHASHI, Hideji
; TITLE OF INVENTION: Polypeptide having larvae growth inhibiting or
; TITLE OF INVENTION: insecticidal effect on scarabaeidae insects and
; TITLE OF INVENTION: polynucleotide encoding the same
; FILE REFERENCE: OP1335
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/091,643
; CURRENT FILING DATE: 2005-03-29
; PRIOR APPLICATION NUMBER: JP 2001-115754
; PRIOR FILING DATE: 2001-04-13
; PRIOR APPLICATION NUMBER: JP 2001-203463
; PRIOR FILING DATE: 2001-07-04
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 22
; SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.0
; SEQ ID NO 17
; LENGTH: 4359
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Bacillus popilliae
; FEATURE:
; NAME/KEY: CDS
; LOCATION: (250) .. (4245)
US-11-091-643-17

Query Match 18.2%; Score 306.4; DB 10; Length 4359;
Best Local Similarity 55.4%; Pred. No. 5; 4e-59;
Matches 817; Conservative 0; Mismatches 516; Indels 141; Gaps 6;

OY 1 GTGAGTCCATGTTTACAGTAGTACGAAAAATAGCTTAAATAGAAACGACATTTAT 60
DB 2203 GTGAACCATTTTGTATACATGATGATCGAAAAAGGCGCTTAAAGAAACGACCATTTAT 2262
OY 61 GAAATAGATCAAGCGGCAATTTCTATAGATGATGTGATGATGAAACAAATCCTCAGAA 120
DB 2263 GAGATTGATCAAGCGGCCAACGTGTGATGTTATATCGATG---AGTGTGACATGAG 2319
OY 121 AAAATATGTTATGAGATGAAATTAACCTGGCAAAACAACTTAAGTCAAGTCTGTATCTA 180
DB 2330 AAAATGATCTCTGTATGATGAAATTAATATGCAAAACAACTGACCAAGCCGCAATTTA 2379
OY 181 CTCGAAATGAGACTTTTCT-----GGGAATGATTGACA 216
DB 2380 CTGCTCAATGGGAATTTGATGATATCTATATCGAGCTCGAGAGAGGAATTCATGGA 2439
OY 217 TTCGGTAAATGATATTTATCATAGATCAATAATCTTATTTTAAAGAAATTTCTACAG 276
DB 2440 ACAAGTCGAATGTTATACATCGTCAAGTAAACCGATTTTAAAGGCCATTTATCTCAGT 2499
OY 277 ATGCGTGAGCAGCAGCATATATGGAAC-----TCTATTTCCAACTATATCTGTCAA 330
DB 2500 ATGGGGGTGGCGAAGCATATCGAGGCCAACATGATACCTTCCACGATATCTATCA 2559
OY 331 AAAATAGATGAGTCAAAATTAAACCATATACGTTATCGAGTAAGAGGGTTGTGGGA 390
DB 2560 AAAATAGATGAGCCAAATTAAAGCGTATACGTTATAAAGTCGGGGTTGTGGGC 2619
```

```
QY 391 AGTAGTAAAGATTGAAATTAATGTAACAGCTTACGGGAAAGAAATGATCATCATG 450
DB 2620 AGCACAAGATCTGAGAGCTGTGGTTATACCGCTTAATGAAGAGTTGATCGATTTTA 2679
QY 451 AATGTTCCAAATGATTTGGCTTATATGACGCTTAATCCTTCATGTGAGATTATCGCTGT 510
DB 2680 GATGATACGGGATTAATATCCCGCATGCGCGACTCTGCTGTGCGGTAATTTGATCGATGC 2739
QY 511 GAATCATGCTC-----TCAGTATGTGACCCAAAG----- 539
DB 2740 AAGCCCTATCTGTATCAACCTTTACTTCCAGATGTAAACCCCTGAGTTTAAATCAGATG 2799
QY 540 ----- 539
DB 2800 CAACCATCTCTTGGCAACCAATAGATGTCGATTTACATTAACATGAACGACGACG 2859
QY 540 -----GTATCTTACACCAACAGATGATATGCTCCGATATGATGATGATGCGCG 588
DB 2860 AGTACTACCATGAAATCTTAGCATGAAATCCTCCCTTAGCGCTGAATGACATCCAGCCAA 2919
QY 589 CAAAATATAGATGAAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 648
DB 2920 AGTGGATTCGCGAAGAAACATGCAAAATGTCATCAAGCGCATCAATTTGAGTTCCACAT 2979
QY 649 GACACCGGAGAGTAGATACAAATACAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 708
DB 2980 GATACCGGAGACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3039
QY 709 AATCCAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 768
DB 3040 GCCACAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3099
QY 769 GGTGAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 828
DB 3100 GTCGAAGCTTATGAACTGTCAAGAAAGAAAGAAAGAAAGAAAGAAAGAAAGAAAGAAAG 3159
QY 829 AAACGTTGGGAAACCAACAGCCTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 888
DB 3160 CACTGTTGCAAAACCAACCAATATATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3219
QY 889 ACAA-----TGAAAGAGATTACATCATATATATATATATATATATATATATATATAT 942
DB 3220 ACAAACGCGCTATGAAATATGAAAGTTGAAACCAACATTTTGAATGATGATGATGATGAT 3279
QY 943 GATGACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1002
DB 3280 GATCATCTCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3339
QY 1003 ATGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1062
DB 3340 ATGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3399
QY 1063 GATGACGAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1122
DB 3400 GACCAAGCGGAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3459
QY 1123 ACAGGAATGCGCGCGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1182
DB 3460 ACCCGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3519
QY 1183 AGCGGCGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1242
DB 3520 GATGCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3579
QY 1243 ATTGCAAAAGAAAGAAAGAAAGAAAGAAAGAAAGAAAGAAAGAAAGAAAGAAAGAAAG 1302
DB 3580 ACGGGAAGAAAGAAAGAAAGAAAGAAAGAAAGAAAGAAAGAAAGAAAGAAAGAAAGAAAG 1369
QY 1303 CAGGAAACATTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1336
DB 3640 GTCGACAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3673
```

```
RESULT 4
US-11-058-727-1
; Sequence 1, Application US/11058727
; Publication No. US20050261483A1
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Andre R. Abad
; APPLICANT: Ronald D. Flannagan
; APPLICANT: Rafael Herrmann
; APPLICANT: Theodore W. Kahn
; APPLICANT: Albert L. Lu
; APPLICANT: Billy Fred McCutchen
; APPLICANT: James K. Preenail
; APPLICANT: James F. H. Wong
; APPLICANT: Cao-Guo Yu
; TITLE OF INVENTION: Genes Encoding Proteins With Peestical
; FILE REFERENCE: 35718/287809
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/058,727
; PRIOR FILING DATE: 2005-02-15
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/391,786
; PRIOR FILING DATE: 2002-06-26
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/460,787
; PRIOR FILING DATE: 2003-04-04
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 10/606,320
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 134
; SOFTWARE: FastSeq for Windows Version 4.0
; SEQ ID NO 1
; LENGTH: 3621
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Bacillus thuringiensis
; FEATURE:
; NAME/KEY: CDS
; LOCATION: (1)...(3621)
; FEATURE:
; NAME/KEY: misc feature
; LOCATION: (0)...(0)
; OTHER INFORMATION: CRY1218-1
US-11-058-727-1
Query Match 17.9%; Score 302.6; DB 11; Length 3621;
Best Local Similarity 55.4%; Pred. No. 3.7e-58;
Matches 739; Conservative 0; Mismatches 519; Indels 75; Gaps 5;
QY 22 AGTACGAAATATACCTTAAATATGAAACGACGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 81
DB 2053 AATCAAAAGATGCTTACGACGCGCTAACGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2112
QY 82 TCTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 141
DB 2113 TTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2112
QY 142 ATAAATGCGCAAAACATTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 197
DB 2173 GTGAGAGGGAACCCCTCAAGAGGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2232
QY 198 -----TTTGGGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 249
DB 2233 GAGATTAATGAGAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2292
QY 250 CTTATTTTAAAGAAATTTCTACAGATGCGGAGACAGAGACATATATGAACTCTA 309
DB 2293 GCTTATTAACAAAGGCGTTATCTACGCTTACAGGTCGAGAGAAATGATGATGATGATGAT 2352
QY 310 TTTCACATTAATCTGTCACAAATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 369
DB 2253 TATCAACGATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2412
QY 370 CGATGAGAGGATTTGCGGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 429
DB 2413 AGATGAGAGGATTTGCGGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2468
```

```

QY 430 AAAGAAATTGATGCTATCATGAATGTTCCAAATGATTTGGCTATATGACGCTATCT 489
Db 2469 -----l-TCAACGAAACGGAATTTAAATAATGACCGATGATTTGCTGCAGATGTA 2520
QY 490 TCATGTGAGATTTATCGCTGTGATATCATGCTCTCAGTATGTGAGCCAAAGGATCTTACA 549
Db 2521 TCTCTGTTAACTCGGATGCTAGT-----A 2545
QY 550 CCACAGATGATATGCTCCCGATATGTATGATGATCCCGCAAAATATATGATGAAAGCAT 609
Db 2546 TCAATCGATGCGGCAACAAAGTATGTGAATAGCCGTTTAAAGTAGAAAACCGTTCTG 2605
QY 610 GTGAAGTGCAGATCTGATCATTTGATTTTCAATTTTGAACCCGAGAACTATATACA 669
Db 2606 GTGAAGCG-----CATGAGTTCTCTATTTCTATTTGATGATGAGGTAAATCATTAAC 2655
QY 670 AATACAAATGTAGTATGATGCTTAAATTTTAAATTTTCAATTCAGATGATGATGCTTACA 729
Db 2656 AATGAAATGCGAGATATGAGTTGATTTAAAGATTTAAGATTTACGAGATCCAGAGGATATGCAACA 2715
QY 730 GTAGGAAATCTAGAAATCAATGAAAGGACCACTAACAGGTGAACATTTGACAGATGTG 789
Db 2716 CTCGAAACCTTAGAATTTGATGAAAGGAGGACCTTTATCAGAGACGATTTAGAACGCTTG 2775
QY 790 AAACAAAGAAAGAAAGAAATGAAACAAACATGAGAGAAACCTTTGGGAAACACACACA 849
Db 2776 CAAGAGAGAAAGAAACAGTGAAGATTCAAATGACAGAGAGACGTAAGAAACAGATGAGA 2835
QY 850 GCCTATGATCCAGAAACAGGCTGTAGATGATTTAATTTAACAATGAACAAGTTATGAC 909
Db 2836 AGGTATATGCAATCGAAACAGCGGATGATGCTTATATGCGATTTATGAGATCAGCAA 2895
QY 910 TATCATATTTACTTTAGA-----TCATATTCAAAACGCTGATGCACTGTGATGATGAT 963
Db 2896 CTGATTCCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2955
QY 964 CCCTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1023
Db 2956 CCTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3015
QY 1024 GAGTAAACGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1083
Db 3016 GATTTAAACGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3075
QY 1084 AATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1143
Db 3076 AATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3135
QY 1144 CAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1203
Db 3136 CAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3195
QY 1204 TTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1263
Db 3196 TTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3255
QY 1264 GGAAGAGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1323
Db 3256 GGAAGAGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3315
QY 1324 TCTTGGAGAGAG 1336
Db 3316 GCAAGCATTTATG 3328

```

RESULT 5  
US-11-108-389-1

; Sequence 1, Application US/11108389  
; Publication No. US20050261188A1

; GENERAL INFORMATION:

; APPLICANT: Andre R. Abad

; APPLICANT: Ronald D. Plannagan

; APPLICANT: Rafael Herrmann

```

; APPLICANT: Theodore W. Kahn
; APPLICANT: Albert L. Lu
; APPLICANT: Billy Fred McCutchen
; APPLICANT: James K. Presnall
; APPLICANT: James F.H. Wong
; APPLICANT: Gao-Guo Yu
; TITLE OF INVENTION: Gene Encoding Proteins With Pesticidal
; TITLE OF INVENTION: Activity
; FILE REFERENCE: 35718/291049
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/108,389
; PRIOR FILING DATE: 2005-04-18
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/391,786
; PRIOR FILING DATE: 2002-06-26
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/460,787
; PRIOR FILING DATE: 2003-04-04
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 10/606,320
; PRIOR FILING DATE: 2003-06-25
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 134
; SOFTWARE: FastSeq for Windows Version 4.0
; SEQ ID NO 1
; LENGTH: 3621
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Bacillus thuringiensis
; FEATURE:
; NAME/KEY: CDS
; LOCATION: (1)...(3621)
; FEATURE:
; NAME/KEY: misc_feature
; LOCATION: (0)...(0)
; OTHER INFORMATION: Cys1218-1
US-11-108-389-1

```

Query Match 17.9%; Score 302.6; DB 11; Length 3621;  
Best Local Similarity 55.4%; Pred. No. 3.7e-58;  
Matches 739; Conservative 0; Mismatches 519; Indels 75; Gaps 5;

```

QY 22 AGTAAAGAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 81
Db 2053 AATACAAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2112
QY 82 TCTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 141
Db 2113 TTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2172
QY 142 ATAAAGAGGAAAGAAAGAAAGAAAGAAAGAAAGAAAGAAAGAAAGAAAGAAAGAAAG 197
Db 2173 GTAGAGAGGAAAGAAAGAAAGAAAGAAAGAAAGAAAGAAAGAAAGAAAGAAAGAAAG 2232
QY 198 -----TTCTGGAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 249
Db 2233 GAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2292
QY 250 CCTATTTTAAAGAAATTTCTACAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 309
Db 2293 GCTTTATTTAAAGAGGCTTTATTTACGCTTACAGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2352
QY 310 TTTCAACCTATATCTGTCAAAAATAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 369
Db 2353 TATCAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2412
QY 370 CGATGAGAGGTTTGTGGAAAGTAAAGTTTGAATTTGAATTTGAATTTGAATTTGAATTTGA 429
Db 2413 AGATGAGAGGTTTGTGGAAAGTAAAGTTTGAATTTGAATTTGAATTTGAATTTGAATTTGA 2468
QY 430 AAAGAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 489
Db 2469 -----TCAACGAAACGGAATTTAAATAATGACCGATGATTTGCTGCAGATGTA 2520
QY 490 TCATGTGAGATTTATCGCTGTGATATCATGCTCTCAGTATGTGAGCCAAAGGATCTTACA 549
Db 2521 TCTCTGTTAACTCGGATGCTAGT-----A 2545
QY 550 CCACAGATGATATGCTCCCGATATGTATGATGATCCCGCAAAATATATGATGAAAGCAT 609

```

Db 2546 TCAATCGATGCGGCAACAAAGTATGTGAATAGCCGTTTAAAGTAGAAAACCGTCTG 2605  
Qy 610 GTGAAGTGCAGATCGTCATTCATTGTTTCAATATTGACACGGAGAGTAGATACA 669  
Db 2606 GTGAAGCG-----CATGAGTCTCTATTCCTATGATACAGGTGAAATCCATTAC 2655  
Qy 670 AATAAAGTATGATGTATGATGCTTATTAATAAATTTTCAATCCAGTAGAGTACCTCA 729  
Db 2656 AATGAAGATGCGAATATGCTGATTTAGATTACGACCCAGAGGATATGACACA 2715  
Qy 730 GTAGGAATCTAGAAATGATGAGAGAGGACCTAACAGTGAAGCATTTGACATGTG 789  
Db 2716 CTCGGAACCTTAGAATTTGGTGCAGAGGGAACCTTTATCAGAGAGGCAATTAAGCTTG 2775  
Qy 790 AAACAAAGAAAGAAATGAGAAACACATGAGAGAAAAAGCTTGGGAAACACACAA 849  
Db 2776 CAAGAAGAGAAACACAGTGAAGATTCAAAATGACAAAGAGAGCTGAAGAAACAGATTGA 2835  
Qy 850 GCCTATGATCCGCAAAACAGGCTGATAGATGATTAATTAACAAGAACAGATTAC 909  
Db 2836 AGGTATATGCGATCGAAGACAGCGGTAGATCGTTATATGCGATTTATCAGATACGCA 2895  
Qy 910 TATCATATTACTTTAGA-----TCATATTCAAAACGCTGATCGATCGAT 963  
Db 2896 CTGATTCGATGTAGAGATTACAGATCTTACTGGGGCCCAAGATCTGATACAGTCAAT 2955  
Qy 964 CCCTATGATACCATTAATTTGTTACCGAATGCTCCAGGTATGATCTATGATGATCA 1023  
Db 2956 CCTTACGATATACGAATGTTCCAGAAATACAGAGGATGATCTATCGAAGTTTACA 3015  
Qy 1024 GAGTTAAACGACGATATCATGAGGTTTAAATTAATATGATGACGAATGTCTAAC 1083  
Db 3016 GAATTAACAGATGACTCCAAAGGCTGAGATTTGATGATCAGGAATCCATACCA 3075  
Qy 1084 AATGTGATCTTACACAGAGATTACAGGAGTGCACGCAACGAAATGCCGCTACAA 1143  
Db 3076 AATGTGATTTTCGAAATGGGTTAGTAAATTGAAATGCAACGCCCTGGGTAAATACAA 3135  
Qy 1144 CAATGATGAGCTTCAGTATTTAGTTCTATCAAAATGGAGCGGGGTATCTCAAAAC 1203  
Db 3136 CAATCAATCATACATCTGCTCTTGATTCCAAACTGGGATGACCAAGTTTCGCAACG 3195  
Qy 1204 TTGCATGCTCAAGATCATCATGATGATGTTAGCTGATGATGCCAAAAGAAAGACCT 1263  
Db 3196 TTTACAGTTCAACGAAATCAAAAGATATGTTACAGATTAACGAGAAAGAGGGGTA 3255  
Qy 1264 GAAAAAGGATATGTAACGATGATGATTTGTAATGAGAAAGCAGAAACACTTAAGTTCACT 1323  
Db 3256 GGAATGATATGTAAGTATCGGTATGATGAGAAATCAACAGAAACGCTTACTTTAGT 3315  
Qy 1324 TCTTCCGAAGAG 1336  
Db 3316 GCAAGCGATTTATG 3328

RESULT 6

US-11-224-624-1  
; Sequence 1, Application US/11224624  
; Publication No. US2006021096A1  
; GENERAL INFORMATION:  
; APPLICANT: Abad, Pndre  
; APPLICANT: Dong, Hua  
; APPLICANT: Herrmann, Rafael  
; APPLICANT: Lu, Albert  
; APPLICANT: McCutchen, Billy F.  
; APPLICANT: Rice, Janet  
; APPLICANT: Schepers, Eric  
; APPLICANT: Wong, James  
; TITLE OF INVENTION: Genes Encoding Proteins with Pesticidal  
; FILE REFERENCE: 35718/297402  
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/224,624

; CURRENT FILING DATE: 2005-09-12  
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/391,786  
; PRIOR FILING DATE: 2002-06-26  
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/460,787  
; PRIOR FILING DATE: 2003-04-04  
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 10/606,320  
; PRIOR FILING DATE: 2003-06-25  
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 10/746,914  
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 143  
; SOFTWARE: FastSeq for Windows Version 4.0  
; SEQ ID NO 1  
; LENGTH: 3621  
; TYPE: DNA  
; ORGANISM: Bacillus thuringiensis  
; FEATURE:  
; NAME/KEY: CDS  
; LOCATION: (1)...(3621)  
; FEATURE:  
; NAME/KEY: misc feature  
; LOCATION: (0)...(0)  
; OTHER INFORMATION: Cyt1218-1  
US-11-224-624-1

Query Match 17.9%; Score 302.6; DB 11; Length 3621;  
Best Local Similarity 55.4%; Pred. No. 3,7e-58;  
Matches 739; Conservative 0; Mismatches 519; Indels 75; Gaps 5;

Qy 22 AGTACGAAATATGCTTAAATATGAAACGACGATTATGAAATGATCAAGCGGCAATT 81  
Db 2053 AATACAAAGATGCTTACGACGAGGCTAACGGATTATGAAAGATCAAGCGGCAAAC 2112  
Qy 82 TCTATGAATATATGATGATGAGAACAAATCTCTCGAAGAAAAATATGATGGAGTAA 141  
Db 2113 TTAGTGAATGCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2172  
Qy 142 ATAAACATGCGAAACAACTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 197  
Db 2173 GTGAGAGGCGAAACCGCTCTGAGAGGACGATTAATTTGCTTCAAGATCCGATTTCA 2232  
Qy 198 -----TTCTGGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 249  
Db 2233 GAGATTAATGAGAAATGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2292  
Qy 250 CCTATTTTAAAGAAATTTCTACAGATGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 309  
Db 2293 GCTTATTTCAAGGCGCTTATCTAGGCTTACAGGCTTACAGGCTTACAGGCTTACAGG 2352  
Qy 310 TTTCAACCTTATCTGTCGAAATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 369  
Db 2353 TATCCAGCTATCTGTCGAAATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2412  
Qy 370 CGAGTAAGAGGCTTGTGGAAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 429  
Db 2413 AGATTGAGAGGCTTGTGGAAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2468  
Qy 430 AAAGAAATGATGCTTATCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 489  
Db 2469 -----TCAAGGAAACGAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2550  
Qy 490 TCAATGGAAGTATTCGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 549  
Db 2521 TCTCTGTTAATCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2545  
Qy 550 CCAACAGATGATATGCTCCGATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 609  
Db 2546 TCAATGATGACGAGCAACAAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2605  
Qy 610 GTGAAGTGCAGATCGTCATTCATTGATTTTATATTTGACACCGGAGAAAGTATGATCA 669  
Db 2606 GTGAAGCG-----CATGAGTCTCTATTCCTATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2655  
Qy 670 AATAAATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 729

Db 2656 AATGAAATGACGAAATATGGGTGATTTAAGATTACGAGCCAGAGGAAATATCAACA 2715  
Qy 730 GTAGGAAATCTAGATCATTTAAGAAAGACCACTAACAGTGAAGCATTTGGCAGATGTG 789  
Db 2716 CTCGAAACTTGAATTTGGTTCAGAGGACCTTTATCAGAGAGCATTTAGAACGCTTG 2775  
Qy 790 AAACAAAAGAAAAGAAATGAAACACACATGAGAAAAAAGTTGGGAAACACACAA 849  
Db 2776 CAAGAAGAAAGAACACAGTGAAGATTCAATGACAGAAAGACGTGAAGAAACAGATAGA 2835  
Qy 850 GCCTATGATCCAGCAAAACAGCTGATTAAGTGAATTTTCAAAAGAACAAAGTTACAC 909  
Db 2836 AGGTATATGCGATCGAAACAAACGGGTAGATCGTTATATGCGGATTTATCAGATCAGCA 2895  
Qy 910 TATCATATTACTTTAGA-----TCATATTCAAAACGCTGATCGATGATGATGATGAT 963  
Db 2896 CTGAAATCTGATGTAGAGTTTACAGATCTTACTGCGGCCCAAGATCTGATACAGTCCATT 2955  
Qy 964 CCTATATATACCATTAATTTGTTTACCGAATGCTCCAGTGAATCTATGATGATATCA 1023  
Db 2956 CTTAGTATATATACGAAATGTTCCAGAAATACAGAGGATGAATATGAAATTTTACA 3015  
Qy 1024 GAGTTAAACGACGATCATGCAAGGTTATATTTATATGATGACAGAAATGTCATACA 1083  
Db 3016 GAATTAACGATCGACTCCAAACAGCGTGAAGTTGTATGATCAGCAATTCATACCA 3075  
Qy 1084 AATGATGACTTATACCAAGGATTTACAGGATGCGCAACAGAAATCCGCGGTACA 1143  
Db 3076 AATGATGATTTTGAATTTGGTTTAAATTTGAAATGCAACCGCTGCGTGAATGACA 3135  
Qy 1144 CAATGATGAGCTTCACTATTTAGTTCTATCAAAATGGAGCGCGGGTATCTCAAAAC 1203  
Db 3136 CAATCAATCATACATCTGCTCTTGATTTCCAACTGGGATGAGCAATTTCCGCAACG 3195  
Qy 1204 TTGCAATGCTCAAGATCATATGATATTTGTTTACGTTGATTTGCCAAAAGAAAGACT 1263  
Db 3196 TTTACAGTTCAACGAAATCAAGATATGTTTACGATTTACGCAAGAAAGAAAGGGGTA 3255  
Qy 1264 GGAAGAGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1323  
Db 3256 GGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3315  
Qy 1324 TCTTGCAGAGAG 1336  
Db 3316 GCAAGCATTTATG 3328

RESULT 7  
US-11-058-727-3  
; Sequence 3, Application US/11058727  
; Publication No. US20050261483A1  
; GENERAL INFORMATION:  
; APPLICANT: Andre R. Abad  
; APPLICANT: Ronald D. Flannagan  
; APPLICANT: Rafael Herzmann  
; APPLICANT: Theodore W. Kahn  
; APPLICANT: Albert L. Lu  
; APPLICANT: Billy Fred McCutchen  
; APPLICANT: James K. Presnail  
; APPLICANT: James F. H. Wong  
; APPLICANT: Cao-Guo Yu  
; TITLE OF INVENTION: Genes Encoding Proteins With Pesticidal  
; FILE REFERENCE: 35718/287809  
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/058,727  
; CURRENT FILING DATE: 2003-02-15  
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/391,786  
; PRIOR FILING DATE: 2002-06-26  
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/460,787  
; PRIOR FILING DATE: 2003-04-04  
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 10/606,320  
; PRIOR FILING DATE: 2003-06-25

NUMBER OF SEQ ID NOS: 134  
; SOFTWARE: FastSeq For Windows Version 4.0  
; SEQ ID NO 3  
; LENGTH: 3633  
; TYPE: DNA  
; ORGANISM: Bacillus thuringiensis  
; FEATURE:  
; NAME/KEY: CDS  
; LOCATION: (1) ... (3633)  
; FEATURE:  
; NAME/KEY: misc feature  
; LOCATION: (0) ... (0)  
; OTHER INFORMATION: CRY1218-2  
US-11-058-727-3

Query Match 17.9%; Score 302.6; DB 11; Length 3633;  
Best Local Similarity 55.4%; Pred. No. 3.7e-58;  
Matches 739; Conservative 0; Mismatches 519; Indels 75; Gaps 5;

Qy 22 AGTACAAAATACGTTAAATATGAAACGACAGATTATGAAATGATCAAGCGGCATT 81  
Db 2065 AATACAAAAGATGCGTTACGACCGCGCTAACGATTTATGAAATGAAACGCGCAAC 2124  
Qy 82 TCTATGAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 141  
Db 2125 TTAGTGAATGCTATGCGATGATTTGATCAATGAAATGAAATGATTTGATGCA 2184  
Qy 142 ATAAAATGCGCAAAACAACTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 197  
Db 2185 GTGAGAGGCAAAACGCTCAGTGAAGGACGATATTTGCTTCAAGATCAGATTTCCA 2244  
Qy 198 -----TCTGGAATGATTTGACATTGCGTAATGATTTATATCATAGATCAATAT 249  
Db 2245 GAGATTAATGAGAAATAGCGTGGACGCAAGTACGGAATTTAGATTTAGAGGGAT 2304  
Qy 250 CCTATTTTAAAGAAATTTCTACAGATGCGTGAAGACAGACATATATGAACTCTA 309  
Db 2305 GCTTATTTCAAGGCGTTATCTACGCTTACAGGTTGAGAGAAATGATTCGAAACG 2364  
Qy 310 TTTCAACCTATATCTGCAAAATATAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 369  
Db 2365 TATCCAGATCTATCTATCAAAAGTATAGAGAGTATTTAAACATATCAAGATAT 2424  
Qy 370 CGAGTGAAGGTTTGTGGAAGTATGAAAGTATGAAATTTAATGATGATGATGATGATGAT 429  
Db 2425 AGATGAGAGGTTTGTGGAAGTATGAAAGTATGAAATTTTCAATTCGATGATGATGAT 2480  
Qy 430 AAAGAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 489  
Db 2481 -----TCAAAACGAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2532  
Qy 490 TCAATGAGATTTATGCGTGTGATCATGCTGCTCAGTATGATGATGATGATGATGATGAT 549  
Db 2533 TCTCTGTTAACTGCGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2557  
Qy 550 CCACAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 609  
Db 2558 TCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2617  
Qy 610 GTGAGTGTGACAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 669  
Db 2618 GTGAGCG-----CATGAGTCTCTATTTCTATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2667  
Qy 670 AATACAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 729  
Db 2668 AATGAAATGACAGAAATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2727  
Qy 730 GTAGGAAATCTAGAGTCAATGAAAGACCACTAACAGTGAAGCATTTGGCAGATGTG 789  
Db 2728 CTCGAAACTTGAATTTGGTTCAGAGGACCTTTATCAGAGAGCATTTAGAACGCTTG 2787  
Qy 790 AAACAAAAGAAAAGAAATGAAACACACATGAGAAAAAAGTTGGGAAACACACAA 849

Db 2788 CAAGAAGAAACAAGTGAAGATTCAAATGACAAAGAAGCTGAAGAAACAGATAGA 2847  
Qy 850 GCCTTGATCCAGCAAAACAGCTGTAGATGATTAATTTACAAATGAACAAAGTTACAC 909  
Db 2848 AGGTATATGGCATCAAAACAGCGGTAGATCGTTATATATGCGGATTAATCAGATCAGCA 2907  
Qy 910 TATCATATTAATCTTTAGA-----TCATATTCAAAACGCTGATCGATCGATCGATT 963  
Db 2908 CTGAATCCGATGTAGAGATTACAGATCTTACTGGGGCCCAAGATCTGATACAGTCATT 2967  
Qy 964 CCTTATGATATACCATTAATTTGTTTACCAGAAATGCTCCAGATGAACTATGATATATCA 1023  
Db 2968 CCTTACGATATATAAAGAAATGTTCCAGAAATACAGAGGATGAATATACGAAGTTTACA 3027  
Qy 1024 GAGTTAAACGCGATATCATGGAAGTTATATTTATATGACGCAAGAAATGTCATPACA 1083  
Db 3028 GAATTAACAGATGACCTCCAAACAGCTGGAAGTTTGTATGATCAGCAAAATGCCATPACA 3087  
Qy 1084 AATGTGACTTTTACAAGGATTTACAGGATGCGCAAGCAAGAAATGCCGCGTACAA 1143  
Db 3088 AATGTGATTTTTCGAAATGGTTAAGTAAATGCAACCCCTGGCGTGAAGTACAA 3147  
Qy 1144 CAATGATGAGCTTCAATGATTAATTTATCTATCAAAATGGAGCGCGGGTATCTCAAAAC 1203  
Db 3148 CAATCAATCATACATCTGTCTTGTGATTTCCAACTGGGATGACAAAGTTTCGCAACAG 3207  
Qy 1204 TTGCAATGCTCAAGATCATCATGATATATGTTTAACTGATGTTCCAAAAAAGAGACCT 1263  
Db 3208 TTTACAGTTCAACCGAATCAAAAGATATGTTTACAGATTAATGCGAAGAAAGAGGCTA 3267  
Qy 1264 GGAAGAGGATATGTAACGATGATGATTTGTAATGGAAGCAAGAAACATTAAGTTCACT 1323  
Db 3268 GGAATGATATATGTAAGTATCCGTATGATGTAAGTAATCAACAGAAACGTTTCTTTAGT 3327  
Qy 1324 TCTTCCGAAGAG 1336  
Db 3328 GCAAGCGATTAATG 3340

RESULT 8  
US-11-108-389-3  
Sequence 3, Application US/11108389  
Publication No. US20050261188A1  
GENERAL INFORMATION:  
APPLICANT: Andre R. Abed  
APPLICANT: Ronald D. Flannagan  
APPLICANT: Rafael Herrmann  
APPLICANT: Theodore W. Kahn  
APPLICANT: Albert L. Lu  
APPLICANT: Billy Fred McCutchen  
APPLICANT: James K. Presnail  
APPLICANT: James F.H. Wong  
APPLICANT: Cao-Guo Yu  
TITLE OF INVENTION: Genes Encoding Proteins with Pesticidal  
FILE REFERENCE: 35718/291049  
CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/108,389  
CURRENT FILING DATE: 2005-04-18  
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/391,786  
PRIOR FILING DATE: 2002-06-26  
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/460,787  
PRIOR FILING DATE: 2003-04-04  
PRIOR APPLICATION NUMBER: 10/606,320  
PRIOR FILING DATE: 2003-06-25  
NUMBER OF SEQ ID NOS: 134  
SOFTWARE: FastSeq for Windows Version 4.0  
SEQ ID NO 3  
LENGTH: 3633  
TYPE: DNA  
ORGANISM: Bacillus thuringiensis  
FEATURE:  
NAME/KEY: CDS  
LOCATION: (1)...(3633)

FEATURE:  
NAME/KEY: misc feature  
LOCATION: (0)..(0)  
OTHER INFORMATION: Cyt1218-2  
US-11-108-389-3

Query Match 17.9%; Score 302.6; DB 11; Length 3633;  
Best Local Similarity 55.4%; Pred. No. 3.7e-56;  
Matches 739; Conservative 0; Mismatches 519; Indels 75; Gaps 5;

Qy 22 AGTACGAAATATACGTTAAATATGAAAACGACAGATTAATGATCAACGCGCATTT 81  
Db 2065 AATACAAAAGATGGCTTACGACCGAGCGTAACGAGATTAATGAAAGTAACAGCGCAAC 2124  
Qy 82 TCTATGAAATGATGTCAGATGAACAAATTCAGAGAAAAAATATGTTATGGAGAA 141  
Db 2125 TTATGGAATGCTATGAGATGATTTGATTCAAATGAAAAACATGTTATTTGATGCA 2184  
Qy 142 ATAAAACGCAAAACAACTTATGATGATCTGATCTACTCAAAATGAGACTT----- 197  
Db 2185 GTGAGAGGCAAAACCGCTCAGTGAAGCACTAATTTGCTCAAGATCCAGATTTCCAA 2244  
Qy 198 -----TCTGGAAATGATGGAATTCGGTATGATATATCATGATCCAAATAT 249  
Db 2245 GAGATTAATGGAAGAAATGCGTGAACGCAAGTACGGGAATGAGTTATGAAGGGAT 2304  
Qy 250 CCTATTTTAAAGAAATTTCTACAGATGCGTGAACGAGCATATATGAACTCTA 309  
Db 2305 GCTTATTCAAAGGCGTTATCTACGCTTACAGGTCAGGTCGAGAGAAATGATACGAAACG 2364  
Qy 310 TTTCCAACTTATCTGTCAAAATATAGATAGCTTAATTTAAACCATATACAGTTAT 369  
Db 2365 TATCCAACTGATCTGATCAAAAAGTAGAGAGAGTATTAACCATACAGAAATAT 2424  
Qy 370 CGAGTAAGAGGTTTGGGAGAGTAGTAAGATTTGAATTAATGTTAACAAGTTACGGG 429  
Db 2425 AGATTTGAGAGGTTTGTGCGAAGCAGTCAAGGATTTGAAATTTTCAAAATTCCTCA----- 2480  
Qy 430 AAAGAAATGATGCTATCATGAAATGTTCCAAATGATTTGGCTTATGAGCCATATCT 489  
Db 2481 -----TCAAAGAACCGAATTTGTAATAATATGACCGAGTATTTGCTGCGAGATGTA 2532  
Qy 490 TCATGTGAGATTTATCCCTGTGAATCATCTGTCATGATGAGCAAGGATATCTTACA 549  
Db 2533 TCTCCTGTTAATCGATGATGATG-----A 2557  
Qy 550 CCAACAGATGATATGCTCCGATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 609  
Db 2558 TCAATCGATGAGCGAAACAAAGATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2617  
Qy 610 GTGAAGTGTACGATCGTCAATCCATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTT 669  
Db 2618 GTGAAGCG-----CATGAGTCTCTATTTCTATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTAC 2667  
Qy 670 AATCAATATGAGTATGATGATGATTTTAAATTTCTAATCCAGATGATGATGATGATGAT 729  
Db 2668 AATGAATATGAGAAATATGAGTATGATTTAAGTTTACGACCGAAGGATATGCAACA 2727  
Qy 730 GTAGGAAATCTGAAGATCATTTGAAGAGCACTTAAACAGTGAAGATTTGCAATGTG 789  
Db 2728 CTCGGAACCTAGAAATTTGTCGAAGAGGACCTTTATCAGAGACGATTTAGAACGCTTG 2787  
Qy 790 AAACAAAGAAAGAAATGGAACCAACATGAGAAAGAAAGCTTGGGAAACCAACAA 849  
Db 2788 CAAGAAGAAACAACGATGAAGATTTCAATGACAAAGAGCTGAAGAAACGATAGA 2847  
Qy 850 GCCTATGATCCAGCAAAACAGCTGTATGATGATTTTAAATGAAACAGAGTTACAC 909  
Db 2848 AGGTATATGGCATCAAAACAGCGGTAGATCGTTATATATGCGGATTAATCAGATCAGCA 2907  
Qy 910 TATCATATTAATCTTTAGA-----TCATATTCAAAACGCTGATCGATCGATCGATT 963  
Db 2908 CTGAATCCGATGTAGAGATTACAGATCTTACTGGGGCCCAAGATCTGATACAGTCATT 2967



Qy	1084	AATGTGACTTTACACAAAGAAATTCACGGGAATGGACGCAACAGAAAATGCCGGGGTACAA	1143
Db	3088	AATGTGATTTTTCGAAATGGGTTAAAGTAATTTGGAAATGCACAGCCTCGGGCTTGAAATGACAA	3147
Qy	1144	CAAAATGATGAGCTTCAGTATTAATTCATCAAAATGGAGCGCGGGGGTATCTCAAAAC	1203
Db	3148	CAAAATCAATCATATCATCTGTCTCTTGATTCCAAATCGGAGATGAGCAAGTTTCGCAACAG	3207
Qy	1204	TTTGATGCTCAAGATCATCATGAAATGTAATGTATTAAGTTCAGTATTCGCAAAAAGAAAGACTT	1263
Db	3208	TTTACAGTTCAACCGAATCAAAAGATATGTGTACAGATTTACTGCGAAGAAAGAAAGGGGTA	3267
Qy	1264	GGAAAAGGGTATGTAAACGATGATGATTTGTATGGAAAGCAGAAACACTTAAGTTCACT	1323
Db	3268	GGAAATGGATATGTATAGTATCCGTGATGATGGTGAATCAAAACAGAAAGCCTTAAGTTTAACT	3327
Qy	1324	TCCTTGCCGAAGAG	1336
Db	3328	GCAAGCCGATTTATG	3340

RESULT 10  
US-11-058-727-17

```

Sequence 17, Application US/11058727
Publication No. US20050261483A1
GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: Andre R. Abad
APPLICANT: Ronald D. Flannagan
APPLICANT: Rafael Herrmann
APPLICANT: Theodore W. Kahn
APPLICANT: Albert L. Lu
APPLICANT: Billy Fred McCutchen
APPLICANT: James K. Priesnall
APPLICANT: James F.H. Wong
APPLICANT: Cao-Guo Yu
TITLE OF INVENTION: Gene Encoding Proteins With Peptidolal
FILE REFERENCE: 35718/287809
CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/058,727
CURRENT FILING DATE: 2005-02-15
PRIORITY APPLICATION NUMBER: 60/391,786
PRIORITY FILING DATE: 2002-06-26
PRIORITY APPLICATION NUMBER: 60/460,787
PRIORITY FILING DATE: 2003-04-04
PRIORITY APPLICATION NUMBER: 10/606,320
PRIORITY FILING DATE: 2003-06-25
NUMBER OF SEQ ID NOS: 134
SOFTWARE: FastSeq for Windows Version 4.0
SEQ ID NO 17
LENGTH: 4874
TYPE: DNA
ORGANISM: Bacillus thuringiensis
FEATURE:
NAME/KEY: misc.feature
LOCATION: (0)...(0)
OTHER INFORMATION: Genomicc Data 1218-1
US-11-058-727-17

```

Query Match	17.9%	Score 302.6;	DB 11;	Length 4874;
Best Local Similarity	55.4%;	Pred. No. 3.9e-58;		
Matches 739;	Conservative 0;	Mismatches 519;	Indels 75;	Gaps 5

[illegible]

D	b	2903	GTGAGAGGCAAAACCGCTCAGTGAAGGCAAGTAAATTTGCTTCAAGATCCAGATTTCCAA	2966
O	y	198	-----TCTGGAAATGATTTGGACATTCGGTAAATGATATTAATCAATGATCCAAATAT	249
D	b	2963	GAGATTAATGAGAAAAATGCGCTGCAGCGCAAGTACGGGAATTTAGGATTAATGAAGGCGAT	3022
O	y	250	CCATATTTTAAAGGAAAAATTTCTACAGATGGGTGAGACAGAGCATATATGAAACCTCA	309
D	b	3023	GCTTATTTCAAAAGGCGCTTATCTACGCCCTACAGGTGGAAGAAATGATACGGAAACG	3082
O	y	310	TTTCCAAACCTATATCTGTCAAAAAATAGATAGTCTAAATTTAAAAACCTATATACGTTAT	369
D	b	3083	TATCCAAACGTAATCTGTATCAAAAAAGTGAAGGAAAGGTGATTTAAACCTATACAAAGATAT	3144
O	y	370	CGAGTAAAGAGGGTTTGTGGGAAAGTAAAGATTTGAAATTTATGTTAACAGTTACGGG	429
D	b	3143	AGATTGAGAGGGTTTGTTCGGAAGCAGTCAAGAGATTTGAAATTTTCACAATTTGCTCA---	3198
O	y	430	AAAGAAATTTGATGCTATCAATGAATGTTCCAAATGATTTGGCCTATATGACCCCTAATCT	489
D	b	3199	-----TCAAGAAACCGAATTTGAAAAATATGATACCGAATGATTTGCTGCCAGATGA	3256
O	y	490	TCATGTGAGATTTATTCGCTGTGAATCAATCGCTCAGTATGTGAGCCAAAGGATATCTTACA	549
D	b	3251	TCTCTCTTTAACTCGAGATGTAGT-----A 3275	
O	y	550	CCAAACAGATGATATGCTCCCGCATATGTATGCATCCCGCAAAATATATATGAAAGCAT	609
D	b	3276	TCAATTCAGTGCAGGGAACAAAAGTATGTAATACCGGTTTGAAGTAAAGAAACGTTCTG	3353
O	y	610	GTGAAGTGCACGATCGTCAATCCATTTGATTTTCAATATTTGACACCGGAAGTATGATACA	669
D	b	3336	GTGAAGG-----CATGAGTTCTTAATCTTAATGTTGATACAGGTGAATGATTAAC	3385
O	y	670	AATCAATATGAGGATATTTGATGTCTTATTTAAAAATTTCTATCCAGATGATATACGCTACA	729
D	b	3386	AATGAAAAATGACAGAAATATGGGTGGATTTTAAGATTTACGACCCAGAGGGATATGACACA	3445
O	y	730	GTAGGGAATCTAGAAGTCATTGAAGAAGACCACTTAAACAGGTGAAGCATTTGGCAATGTG	789
D	b	3446	CTGGGAAACCTAGAAATTTGTTCGAAGAGGACCTTTATCAGAGAGCGATTGAAACGCTTG	3505
O	y	790	AAACAAAAGAAAAGAAATGGAACAAACATGGAAGAAAAAGCTTGGGAAACACACACA	849
D	b	3506	CAAAAGACGAACAAACAGTGGAAATTTCAATATGACAAAGAACCTGGAAGAAACAGATAGA	3565
O	y	850	GCCATATATCCAGAAACAGGCTGTGATGATCATTTATTTCAAAATGAAACAAGATTTAC	909
D	b	3566	AGGTATATGGATGAAACAAAGCGGTGATGCTTTATATGTCCGATTTACAGGATTCAGCA	3625
O	y	910	TATCATATATTAATTAGA-----TCATATTTCAAAACGCTGATCGACTGGTACAGTGCATTT	963
D	b	3626	CTGAATCTCATATGTATGAGATTTACAGATCTTAATCTGCGGCCCAAGATCTGATACAGTCAATT	3685
O	y	964	CCCTATGATATCACTAAATTTGGTTACCGAATGCTCAGGTATGAATCTATGATGTTATTCAA	1023
D	b	3686	CCTTACGATATTAAGAAATTTGTTCCAGAAATACAGGAGTGAATCTATACAAATTTTACA	3745
O	y	1024	GAGTTAAACGACGTATCATGCAAGGTTTATATTTATATATGACGAAAAATGCTATATACA	1083
D	b	3746	GAATTTAAACAGATTCAGTCCAAACAAAGCGTGGATTTGATATGATCGGAAAAATGCAATACA	3805
O	y	1084	AATGTGACTTTTACACAAAGATTCAGAGGATGCGACCAACAGGAAATATGCGCGGATACAA	1143
D	b	3806	AATGTGATTTTTCGAAATTTGGTTTAAGTAAATTTGGAATGCAACGCTCGCGCTATGAAATACAA	3866
O	y	1144	CAAAATGATGAGCTTCAAGTATTAAGTTCTATCAAAATTTGAGACGCGGGGATATCTCAAAAC	1203
D	b	3866	CAATTCATATCATATATCTGTCCTTGATATTCAAACCTGGGATGAGCAAGTTTCCCAACAG	3925
O	y	1204	TTGCATGCTCAAGATCATCATGATATATGTGTATACGTGTATTTGCCAAAAAAGAAAGACCT	1263
D	b	3926	TTTACAGTTCACCGAATCAAAAGATATGTGTATTCAGAGTATCTGGAAGAAAAAGGGGTA	3985

QY 1264 GGAAGGATATGTAACATGATGATTGTAATGGAAGCAGGAAACCTTAAGTCACT 1323  
DB 3986 GGAATGATATGTAAGTATCCGTATGATGATGGAATCAACAGAAACGCTTCTTAACT 4045  
QY 1324 TCTTGCGAAGAG 1336  
DB 4046 GCAAGCGATTATG 4058

## RESULT 11

US-11-108-389-17  
; Sequence 17, Application US/11108389  
; Publication No. US20050261188A1  
; GENERAL INFORMATION:  
; APPLICANT: Andre R. Abad  
; APPLICANT: Ronald D. Flannagan  
; APPLICANT: Rafael Herrmann  
; APPLICANT: Theodore W. Kahn  
; APPLICANT: Albert L. Lu  
; APPLICANT: Billy Fred McCutchen  
; APPLICANT: James K. Presnail  
; APPLICANT: James F. H. Wong  
; APPLICANT: Cao-Guo Yu  
; TITLE OF INVENTION: Genes Encoding Proteins With Pesticidal  
; FILE REFERENCE: 35718/291049  
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/108,389  
; PRIOR FILING DATE: 2005-04-18  
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/391,786  
; PRIOR FILING DATE: 2002-06-26  
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/460,787  
; PRIOR FILING DATE: 2003-04-04  
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 10/606,320  
; PRIOR FILING DATE: 2003-06-25  
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 134  
; SOFTWARE: FastSeq for Windows Version 4.0  
; SEQ ID NO 17  
; LENGTH: 4874  
; TYPE: DNA  
; ORGANISM: Bacillus thuringiensis  
; FEATURE:  
; NAME/KEY: misc\_feature  
; LOCATION: (0) ... (0)  
; OTHER INFORMATION: Genomic DNA 1218-1  
US-11-108-389-17

Query Match 17.9%; Score 302.6; DB 11; Length 4874;  
Best Local Similarity 55.4%; Pred. No. 3.9e-58;  
Matches 739; Conservative 0; Mismatches 519; Indels 75; Gaps 5;

QY 22 AGTACGAAATAATACGTTAAATAATAGAAACGACAGATTATGAATGATCAAGCGGCATT 81  
DB 2783 AATACGAAAGATGCTTACGACCGAGCGTAACGATTATGAATGATCAAGCGGCAAC 2842  
QY 82 TCTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 141  
DB 2843 TTAAGGAAATGCTTACGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2902  
QY 142 AATAAAGTGGCAAAACAACTTGTAGTCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 197  
DB 2903 GTGAGGAGGCAAAACGCTCAGTGGAGGACGTAATTTGCTTCAAGATCCAGATTTCCA 2962  
QY 198 -----TTCTGGAAATGATGACATTGCGTAATGATGATGATGATGATGATGATGAT 249  
DB 2963 GAGATTAATGAGAAATGCTGCGAGCGAAGTACGGAATGAGTTATGAAGGGAT 3022  
QY 250 CCTATTTTAAAGAAATTTCTACAGATGCGTGAAGACGAGACATATATGAACTCTA 309  
DB 3023 GCTTATTCAGAGGGGCTTATCTACGCTACAGGAGGAGAAATATGATACGAAACG 3082  
QY 310 TTTCCAACTATATCTGTCAAAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 369

DB 3083 TATCCAGATATCTGTATCAAAAAGTAGAGGAGGTGATTAATAACCATACCAAGATAT 3142  
QY 370 CGAGTAAGAGGGTTTGTGGAGTAGTAGTAAGATTGAAATTAATGATTAACGTTACGGG 429  
DB 3143 AGATTGAGAGGGTTTGTGGAGTAGTAGTAAGATTGAAATTAATGATTAACGTTACGGG 3198  
QY 430 AAGAAATTTGATGCTATCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 489  
DB 3199 -----TCAAGCAACGAAATGTAATAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3250  
QY 490 TCATGTGAGATTAATCGCTGTAATCATGCTCATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 549  
DB 3251 TCTCTGTTAATCTGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3275  
QY 550 CCAACAGATGATATGCTCCGATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 609  
DB 3276 TCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3335  
QY 610 GTGAAGTCAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 669  
DB 3336 GTGAAGCG-----CATGAGTCTCTATTTCTATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3385  
QY 670 AATACAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 729  
DB 3386 AATGAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3445  
QY 730 GTAGGAACTGAAAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 789  
DB 3446 CTGGAAACCTAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3505  
QY 790 AAACAAAGGAAAGAAATGGAACACACATGAGAAAGAAAGAAAGAAAGAAAGAAAGAA 849  
DB 3506 CAAGAGAGAGAAACACAGTGAAGATTAATGACAAAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 3565  
QY 850 GCCTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 909  
DB 3566 AGGTATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3625  
QY 910 TATCATATTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 963  
DB 3626 CTGAATCCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3685  
QY 964 CCTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1023  
DB 3686 CCTTACGATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3745  
QY 1024 GAGTTAAAGCAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1083  
DB 3746 GATTTAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3805  
QY 1144 CAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1203  
DB 3866 CAATCAATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3925  
QY 1204 TTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1263  
DB 3926 TTTAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3985  
QY 1264 GGAAGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1323  
DB 3986 GGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 4045  
QY 1324 TCTTGCGAAGAG 1336  
DB 4046 GCAAGCGATTATG 4058

## RESULT 12

US-11-224-624-17

```
; Sequence 17, Application US/11224624
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Abad, Andre
; APPLICANT: Dong, Hua
; APPLICANT: Hermgün, Rafael
; APPLICANT: Lu, Albert
; APPLICANT: McCutchen, Billy F.
; APPLICANT: Rice, Janet
; APPLICANT: Schneper, Eric
; APPLICANT: Wong, James
; TITLE OF INVENTION: Genes Encoding Proteins with Pesticidal
; FILE OF INVENTION: Activity
; FILE REFERENCE: 35718/297402
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/224,624
; CURRENT FILING DATE: 2005-09-12
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/391,786
; PRIOR FILING DATE: 2002-06-26
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/460,787
; PRIOR FILING DATE: 2003-04-04
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 10/606,320
; PRIOR FILING DATE: 2003-06-25
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 10/746,914
; PRIOR FILING DATE: 2003-12-24
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 143
; SOFTWARE: Fastseq for Windows Version 4.0
; SEQ ID NO 17
; LENGTH: 4874
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Bacillus thuringiensis
; FEATURE:
; NAME/KEY: misc feature
; LOCATION: (0)_(0)
; OTHER INFORMATION: Genomic DNA 1218-1
US-11-224-624-17

Query Match      17.9%; Score 302.6; DB 11; Length 4874;
Best Local Similarity 55.4%; Pred. No. 3.9e-58;
Matches 739; Conservative 0; Mismatches 519; Indels 75; Gaps 5;

QY 22 AGTACGAAATATACGTTAAATAAGAAACGACAGATTGAAATGATCAAGCGCCATT 81
DB 2783 AATACAAAGATGCTTACGACACGAGCGTAACGATTAAGATGAATCAAGCGCAAC 2842
QY 82 TCTATAGATGATGTCAGATGAAACAAATCCTCGSAAAAATAATGTTATGGATGA 141
DB 2843 TTAGTGATGCTATCGATGATTTGTAATCCAAATGAAAAAGATGTTATTGATCA 2902
QY 142 ATAAACTGCGAAACAATTAGTCAGTCTCGTAATCTACTCAAAATGAGACTT---- 197
DB 2903 GTGAGAGAGCGAAACGCTCGATGAGCAAGTAATTTGCTTCAAGATCCAGATTTCCA 2962
QY 198 -----TTCTGGGAATGATGACATTCCGTAATGATTAATCATAGAGATCCAAAT 249
DB 2963 GAGATAAATGAGAAATAGCGTGGACGCAAGTAAGGAAATGAGGATATGAAAGGGAT 3022
QY 250 CCTATTTTAAAGAAATTTCTACAGATGCTGGAGCAAGACATATATGAACTCTA 309
DB 3023 GCTTATTAAGAGGCGTTATCTACGCTTACCGAGGTGAGAGAAATGATACGGAACG 3082
QY 310 TTTCCAACTATATCTGTCAAAAATAGATAGTCTAATTAATTAACATATACAGTTAT 369
DB 3083 TATCCAACTATCTGTATCAAAAATAGAGAGAGTGTATTAACATATACAGATATAT 3142
QY 370 CGAGTAGAGGGTTTGTGGAGAGTAGTAAGATTTGAAATTAAATGTAACAGTTACGG 429
DB 3143 AGATGAGAGGGTTTGTGGAGAGTAGTAAGATTTGAAATTAAATGTAACAGTTACGG 3188
QY 430 AAAAGAAATGATGCTATCATGAATTTCCAAATGATTTGGCCTATATGACGCTTAATCT 489
DB 3199 -----TCAAAAGAAACCGAATTTGTAATAAATGATACCGAGATTTTCTCGCAAGATGTA 3250
QY 490 TCATGTGAGATTTATCGCTGTGATCATGCTCTAGTATGAGCAAGGGATCTCTACA 549
```

```
DB 3251 TCTCTGTTAACCTGGATGGATG-----A 3275
QY 550 CCAACAGATGATATGCTCCCGATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 609
DB 3276 TCAATGATGAGAGGAAACAAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3335
QY 610 GTGAGTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 669
DB 3336 GTGAGGCG-----CATGATTTCTATTTCTTATTTATGATGATGATGATGATGATGAT 3385
QY 670 AATCAAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 729
DB 3386 AATGAAATGAGAGAAATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3445
QY 730 GTAGGAAATCTGAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 789
DB 3446 CTCGAAACCTGAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3505
QY 790 AAACAAAGAGAAAGAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 849
DB 3506 CAAGAGAGAGAAACAGTGGAGATTCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3565
QY 850 GCTATGATCCAGGAAACAGGCTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 909
DB 3566 AGTATATGCGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3625
QY 910 TATCATTTACTTTGA-----TCATATTCAAAACGCTGATGATGATGATGATGATGAT 963
DB 3626 CTGAATCCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3685
QY 964 CCTATGATATCATTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1023
DB 3686 CTTATGATATTAAGAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3745
QY 1024 GAGTTAAACGACGATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1083
DB 3746 GAATTAACAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3805
QY 1084 AATGATGATTTACAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1143
DB 3806 AATGATGATTTTCCAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3865
QY 1144 CAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1203
DB 3866 CAATCAATCATATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3925
QY 1204 TTGATGCTCAAGATCATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1263
DB 3926 TTACAGTTCAACGATCAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3985
QY 1264 GAAAGAGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1323
DB 3986 GAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 4045
QY 1324 TCTTGGAGAGAG 1336
DB 4046 GCAAGCGATTAATG 4058

RESULT 13
US-11-058-727-18
; Sequence 18, Application US/11058727
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Andre R. Abad
; APPLICANT: Ronald D. Flannagan
; APPLICANT: Rafael Herrmann
; APPLICANT: Theodore W. Kahn
; APPLICANT: Albert L. Lu
; APPLICANT: Billy Fred McCutchen
; APPLICANT: James K. Presnall
; APPLICANT: James F. H. Wong
```



NUMBER OF SEQ ID NOS: 134  
 SOFTWARE: FastSeq for Windows Version 4.0  
 SEQ ID NO: 18  
 LENGTH: 6613  
 TYPE: DNA  
 ORGANISM: Bacillus thuringiensis  
 FEATURE:  
 NAME/KEY: misc\_feature  
 LOCATION: (0)...(0)  
 OTHER INFORMATION: Genomic Cry1218-2  
 US-11-108-389-18

Query Match 17.9%; Score 302.6; DB 11; Length 6613;  
 Best Local Similarity 55.4%; Pred. No. 4.1e-58;  
 Matches 739; Conservative 0; Mismatches 519; Indels 75; Gaps 5;

QY 22 AGTACGAAATAATACGTTAAATAAGAAACGACAGATTATGAATAGATCAACGGCCATT 81  
 DB 3318 AATACAAAAGATGGCTTACGACAGGCGTAAAGGATTATGAAGTAAATCAACGGCCAAAC 3377  
 QY 82 TCTATAGATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 141  
 DB 3378 TTAGTGAATGCTTATCGGATATTTGATCCAAATGAAAAAGATTTGATTTGATGCA 3437  
 QY 142 ATAAAGTGGCAAAACCTTACAGTCTCGTAAATCTACTCCAAATGGAACCTT---- 197  
 DB 3438 GTGAGAGGCAAAACGCTTCAAGTACGACGATTTTCTTCAAGATCCAGATTTCCAA 3497  
 QY 198 -----TTCTGGGAATGATGACATTCGTTAATGATATTTATCATAGATCCAAATAT 249  
 DB 3498 GAGATAAATGAGAAATGCGCTGACGCGCAATGACGGAAATGAGTTATAGAAAGGGAT 3557  
 QY 250 CCTATTTTAAAGAAATTTCTACAGATGCGTGAAGACGAGATATATGAACTCTCA 309  
 DB 3558 GCTTATTCAAAGGCGCTTATCTACGCCCTACAGGTCGAGAAATGATATCGGAAACG 3617  
 QY 310 TTTCCAACTTATCTGTCAAAAAATAGATGAGTCTAAATTTAAACCATATACAGTTAT 369  
 DB 3618 TATCCAAAGTATCTGATATCAAAAAGTAAAGAGAGTATTTAAACCATATACAGATAT 3677  
 QY 370 CGAGTAAGAGGTTTGTGGGAAGTAAAGATTTGAATTAATGATTAACACGTTACGGG 429  
 DB 3678 AGATTGAGAGGGTTTGTGGGAAGTAAAGATTTGAATTTTCAATTCGTCATCA---- 3733  
 QY 430 AAAGAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 489  
 DB 3734 -----TCAACGAAACGAAATTTGAAAAATGACCGGATGATTTGTCAGATGTA 3785  
 QY 490 TCATGTGAGATTTATCGTGTGAATCATGCTCTCAGTATGTGAGCCAAAGGTATCTTACA 549  
 DB 3786 TCTCTGTTAACTCGGATGCTGCT-----A 3810  
 QY 550 CCAACAGATGATATGCTCCGATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 609  
 DB 3811 TCAATGATGACGCAACAAAGATGTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3870  
 QY 610 GTGAGTGTGACGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 669  
 DB 3871 GTGAAAGC-----CATAGTCTCTATATCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3920  
 QY 670 AATACAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 729  
 DB 3921 AATGAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3980  
 QY 730 GTAGGGAATCTTGAAGTCAATTAAGAGAGCACTTAAAGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 789  
 DB 3981 CTCGGAACCTTGAATGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 4040  
 QY 790 AAACAAAGGAAAGAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 849  
 DB 4041 CAAGAGAAAGCAACAGTGGAGATTTCAATGACAAAGAGCGTGAAGAAACAGATGATGATGAT 4100  
 QY 850 GCCTATGATCCAGCAAAACAGGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 909

DB 4101 AGGTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 4160  
 QY 910 TATCATTTACTTTTGA-----TCATTTTCAAAAAGCTGATTCAGTCTGATCACTCGATT 963  
 DB 4161 CTGATCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 4220  
 QY 964 CCCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1023  
 DB 4221 CTTTACGATTTTAAAGAAATTTCTCCAGAAATACAGGATGAACTTATGCAAGTTTAC 4280  
 QY 1024 GAGTTAAACGACGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1083  
 DB 4281 GAATTTAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 4340  
 QY 1084 AATGATGATTTTACCAAGATTTACAGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1143  
 DB 4341 AATGATGATTTTTCGAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 4400  
 QY 1144 CAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1203  
 DB 4401 CAATCAATCATATCTTCTCTTGTGATTTCAAACTGGATGAGCAAGTTTCCGACAG 4460  
 QY 1204 TTGATGCTCAAGATCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1263  
 DB 4461 TTTACAGTTCAACGAATCAAGATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 4520  
 QY 1264 GAAAGAGGATTTTACCAAGATTTACAGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1323  
 DB 4521 GAAATGATATTTGTAAGATTTCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 4580  
 QY 1324 TCTTCCGAAGAAG 1336  
 DB 4581 GCAAGCATTTATG 4593

RESULT 15  
 US-11-224-624-18  
 ; Sequence 18, Application US/11224624  
 ; Publication No. US20060021096A1  
 ; GENERAL INFORMATION:  
 ; APPLICANT: Abad, Andre  
 ; APPLICANT: Dong, Hua  
 ; APPLICANT: Herrmann, Rafael  
 ; APPLICANT: Lu, Albert  
 ; APPLICANT: McClutchen, Billy F.  
 ; APPLICANT: Rice, Janet  
 ; APPLICANT: Schepers, Eric  
 ; APPLICANT: Wong, James  
 ; TITLE OF INVENTION: Gene Encoding Proteins With Pesticidal  
 ; FILE REFERENCE: 35718/297402  
 ; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/224,624  
 ; CURRENT FILING DATE: 2005-09-12  
 ; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/391,786  
 ; PRIOR FILING DATE: 2002-06-26  
 ; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/460,787  
 ; PRIOR FILING DATE: 2003-04-04  
 ; PRIOR APPLICATION NUMBER: 10/606,320  
 ; PRIOR FILING DATE: 2003-06-25  
 ; PRIOR APPLICATION NUMBER: 10/746,914  
 ; PRIOR FILING DATE: 2003-12-24  
 ; NUMBER OF SEQ ID NOS: 143  
 ; SOFTWARE: FastSeq for Windows Version 4.0  
 ; SEQ ID NO 18  
 ; LENGTH: 6613  
 ; TYPE: DNA  
 ; ORGANISM: Bacillus thuringiensis  
 ; FEATURE:  
 ; NAME/KEY: misc\_feature  
 ; LOCATION: (0)...(0)  
 ; OTHER INFORMATION: Genomic Cry1218-2  
 ; US-11-224-624-18



**This Page Blank (uspto)**

GenCore version 5.1.7  
Copyright (c) 1993 - 2006 BioCeleration Ltd.

OM nucleic - nucleic search, using sw model

Run on: February 15, 2006, 03:34:22 ; Search time 324 Seconds  
(without alignments)

9249.904 Million cell updates/sec

Title: US-10-781-979-6

Perfect score: 1686  
Sequence: 1 gtcgagtcctatggttaccag.....atcaagatataaccgtaaa 1686

Scoring table: IDENTITY NUC  
Gapop 10.0 , Gapext 1.0

Searched: 1303057 seqs, 888780828 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters: 2606114

Minimum DB seq length: 0

Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%

Maximum Match 100%  
Listing first 45 summaries

Database : Issued Patents NA:\*

1: /cgn2\_6/ptodata/1/ina/1\_COMB.seq:\*  
2: /cgn2\_6/ptodata/1/ina/5\_COMB.seq:\*  
3: /cgn2\_6/ptodata/1/ina/6A\_COMB.seq:\*  
4: /cgn2\_6/ptodata/1/ina/6B\_COMB.seq:\*  
5: /cgn2\_6/ptodata/1/ina/H\_COMB.seq:\*  
6: /cgn2\_6/ptodata/1/ina/PCTUS\_COMB.seq:\*  
7: /cgn2\_6/ptodata/1/ina/RE\_COMB.seq:\*  
8: /cgn2\_6/ptodata/1/ina/BACKFILES1.seq:\*  
9: /cgn2\_6/ptodata/1/ina/BACKFILES1.seq:\*

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a  
score greater than or equal to the score of the result being printed,  
and is derived by analysis of the total score distribution.

## SUMMARIES

Result No.	Score	Query Match	Length	ID	Description
1	763.8	45.3	3543	US-09-224-024-27	Sequence 27, Appl
2	763.8	45.3	3543	PCT-US94-07902-27	Sequence 27, Appl
3	379	22.5	3504	US-10-089-678-2	Sequence 2, Appl
4	379	22.5	3690	US-10-089-678-3	Sequence 3, Appl
5	357.4	21.2	3797	US-07-915-203-1	Sequence 1, Appl
6	357.4	21.2	3797	US-08-272-887-1	Sequence 1, Appl
7	357.4	21.2	3797	US-08-789-449-1	Sequence 1, Appl
8	311.8	18.5	3471	US-07-876-280-29	Sequence 29, Appl
9	311.8	18.5	3471	US-07-812-180A-1	Sequence 1, Appl
10	311.8	18.5	3471	US-08-315-468-1	Sequence 1, Appl
11	311.8	18.5	3471	US-07-941-650A-1	Sequence 1, Appl
12	303	18.0	3414	US-07-973-320-3	Sequence 1, Appl
13	299.8	17.8	3414	US-07-973-320-1	Sequence 1, Appl
14	286.6	17.0	3507	US-08-315-468-3	Sequence 3, Appl
15	271.4	16.1	3759	US-08-542-921-1	Sequence 1, Appl
16	271.4	16.1	3759	US-08-880-685-1	Sequence 1, Appl
17	271.4	16.1	3759	US-08-880-684-1	Sequence 1, Appl
18	269.6	16.0	3453	US-09-002-285-75	Sequence 75, Appl
19	269.6	16.0	3453	US-09-589-477-75	Sequence 75, Appl
20	269.6	16.0	3453	US-10-099-285A-75	Sequence 75, Appl
21	269	16.0	3522	US-08-040-751-4	Sequence 4, Appl
22	269	16.0	3522	US-08-291-368-1	Sequence 1, Appl
23	269	16.0	3522	US-08-962-190-1	Sequence 1, Appl
24	269	16.0	3522	PCT-US95-10310-1	Sequence 1, Appl

25	269	16.0	3522	9	5164180-3	Patent No. 5164180
26	269	16.0	4344	2	US-08-532-547-4	Sequence 4, Appl
27	269	16.0	4344	2	US-08-379-656B-4	Sequence 4, Appl
28	269	16.0	4344	3	US-08-455-838-4	Sequence 4, Appl
29	269	16.0	4344	3	US-09-019-809-4	Sequence 4, Appl
30	269	16.0	4344	3	US-09-471-177-4	Sequence 4, Appl
31	269	16.0	4344	3	US-09-220-806-4	Sequence 4, Appl
32	268.8	15.9	3471	3	US-09-002-285-73	Sequence 73, Appl
33	268.8	15.9	3471	3	US-09-589-477-73	Sequence 73, Appl
34	268.8	15.9	3471	3	US-09-661-322A-27	Sequence 27, Appl
35	268.8	15.9	3471	3	US-10-099-285A-73	Sequence 73, Appl
36	265.8	15.8	3504	3	US-09-661-322A-39	Sequence 39, Appl
37	261.2	15.5	3504	2	US-08-291-368-3	Sequence 3, Appl
38	261.2	15.5	3504	2	US-08-962-190-3	Sequence 3, Appl
39	261.2	15.5	3504	6	PCT-US95-10310-3	Sequence 3, Appl
40	261	15.5	3531	3	US-08-855-160-3	Sequence 3, Appl
41	261	15.5	3531	3	US-08-855-160-5	Sequence 5, Appl
42	261	15.5	3531	3	US-08-855-160-7	Sequence 7, Appl
43	260.6	15.5	3713	2	US-08-100-709-1	Sequence 1, Appl
44	260.6	15.5	3713	2	US-08-176-865-1	Sequence 1, Appl
45	260.6	15.5	3713	2	US-08-474-038-1	Sequence 1, Appl

## ALIGNMENTS

RESULT 1  
US-09-224-024-27  
; Sequence 27, Application US/09224024  
; Patent No. 6056953  
; GENERAL INFORMATION:  
; APPLICANT: Leslie Hickie  
; APPLICANT: Jewel Payne  
; TITLE OF INVENTION: Materials and Methods for the Control of  
; TITLE OF INVENTION: Calliphoridae Pests  
; NUMBER OF SEQUENCES: 31  
; CORRESPONDENCE ADDRESS:  
; ADDRESSER: David R. Saliwanchik  
; STREET: 2421 N.W. 41st Street, Suite A-1  
; CITY: Gainesville  
; STATE: FL  
; COUNTRY: USA  
; ZIP: 32606  
; COMPUTER READABLE FORM:  
; MEDIUM TYPE: Floppy disk  
; COMPUTER: IBM PC compatible  
; OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS  
; SOFTWARE: Patentin Release #1.0, Version #1.25  
; CURRENT APPLICATION DATA:  
; APPLICATION NUMBER: US/09/224,024  
; FILING DATE:  
; CLASSIFICATION:  
; PRIOR APPLICATION DATA:  
; APPLICATION NUMBER: 08/856,226  
; FILING DATE:  
; ATTORNEY/AGENT INFORMATION:  
; NAME: Saliwanchik, David R.  
; REGISTRATION NUMBER: 31,794  
; REFERENCE/DOCKET NUMBER: MA79  
; TELECOMMUNICATION INFORMATION:  
; TELEPHONE: 904-375-8100  
; TELEFAX: 904-372-5800  
; INFORMATION FOR SEQ ID NO: 27:  
; SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
; LENGTH: 3543 base pairs  
; TYPE: nucleic acid  
; STRANDEDNESS: single  
; TOPOLOGY: linear  
; MOLECULE TYPE: DNA (genomic)  
; US-09-224-024-27  
; Query Match 45.3%; Score 763.8; DB 3; Length 3543;  
; Best Local Similarity 71.9%; Pred. No. 1.3e-183;

Matches 1050; Conservative 0; Mismatches 387; Indels 24; Gaps 3;

```

Qy 2 TGAGTCTATGTTTCAAGTACGAGGAAATACGTTAAATGAAACGACAGATTATG 61
Db 2090 TTTAATACATTTTATGCAAAATCCTATAAAAAACACTTTTCAATCGAACCTTACAGATTATG 2149
Qy 62 AAATAGATCAAGCGGCGCATTTCTATAGAAATGATGTCAGATGAAACAAAATCTCGAGAA 121
Db 2150 ACATAGATCAAGCGGCGCAATCTTGAGATGATTTCTGAAAGAAATATATACAAAGAA 2209
Qy 122 AAATATGTTATGGAGTAAATAAATCTGGCAAAACAATTAGTCAAGTCTGTAATCTAC 181
Db 2210 AAATGCTGTTATTTAGATGAAGTTAAATGCGAAACAATTAGTCAATCTGAAATGATAC 2269
Qy 182 TCCAAATGAGACTTT-----TCTGGAAATGATGGACATTGCTATATGATTTATCA 235
Db 2270 TTTCAAAACGGGGATTTTGAATCGGCTACGCTGGTGGACAACAAGTATATATACAA 2329
Qy 236 TAGATCCAAATATCTTATTTTAAAGAAATTTCTACAGATGCGTGGACAGAGACA 295
Db 2330 TTTCAAGAAAGATGATCTTATTTTAAAGGCACTTACCTTCAATGTCGCGGCGAGAGAA 2389
Qy 296 TATATGAACTCTATTTTCCAACTATATCTGTCAAAAAATAGATGAGTCTAAATTTAAAC 355
Db 2390 TTGATGGTACGATATTTTCCGACCTATATATCCAAAAATGATGAATCAAAATTTAAAC 2449
Qy 356 CATATACGTTATCGAGTAAGAGGCTTTGCGGAAGTATGAAGATTGAATTTAATGG 415
Db 2450 CGTATACACGTTACTGATGTAAGGGATTTGTAGGAAGTAAAGATGTAAACATGAGGG 2509
Qy 416 TAAACGTTACGGGAAAGAAATTTGATGCTATCATGAATGTTCCAAATTTGGGCTATA 475
Db 2510 TTTTACCGTATGGGAAAGAAATTTGATGCTATCATGAATGTTCCAGCTATTTAAACTATC 2569
Qy 476 TGCAGCCTAATCTTCAATGAGAAATATCGCTGTAATCATCGTCTCAGTATGTAGACC 535
Db 2570 TGTATCTCTTAC-----CTTGTATGTGAAGGGCTTAATGCTTGTGAGAGCT 2617
Qy 536 AAGGATCTTACACCAACAGATGATATGCTCCGATATGTATGATGCGCCGCAAAATA 595
Db 2618 CCGGTGTCGGGCTAACAATTTGGGAACACTTCTGATGTCGTATTCATGCCAATATGTA 2677
Qy 596 TAGATAGAAACATGTAAGTGTGTCAGATTCGATCCATTTGATTTTATATTTGACACG 655
Db 2678 CAGGAAACCAATGTGTATGTATGTCAGATTTCCCATCAATTTAGTTTCACTATGATACG 2737
Qy 656 GAGAAGTAGATACAAATTAACAATGTAGTATGATGTTTATTAATAATTTCTAATCCAG 715
Db 2738 GGGCATTAGATACAAATTAACAATGTAGGGGTTGGGTCATGTTTAAATATCTTCCAG 2797
Qy 716 ATGATACGCTACAGTAGGGAATCTAGAAATCTTGAAGAAAGACCACTAACAGTGAAG 775
Db 2798 ATGATACGCTACATTAATTAATTAAGAAATTTGAAGAAAGGCGCAATATAGTGGGAAG 2857
Qy 776 CATTGGCATGTGTAACAAAGAAAGAAATGGAACCAACATGAGAAAGAAAGCTT 835
Db 2858 CACTGTCAAGGCTGTAACCAATGAGAAAGAAATGGAACCAATGAGAAAGAAAGCTT 2917
Qy 836 GGGAAACACAAGACCTGATGATCAGCAAAACAGCTGTAGATGATGATTTTCAAAATG 895
Db 2918 CCGAAACACAACCAATATGATGTAGGGAACAAGCCATTAAATGCTTATTTCAAAATG 2977
Qy 896 AACCAAG-----GTACACTATCATATTTACTTTTATGATTCATTTCAAAACCTGATGAC 949
Db 2978 TACAAAGTAGAGCTTTTACAGTTTGTATGATGACATCGCTCAAAATTCAGTACCTGATTT 3037
Qy 950 TGGTACAGTCCATTCCTATGATATACCAATATTTGTTTCCGAATGCTCAGATTAAGACT 1009
Db 3038 TGGTACATGATTCATATGATATGTAACAATGATGTTGTCAGATGTTTCCAGATTAAGACT 3097
Qy 1010 ATGATGATATCAAGAGTTAAACGACGATATCATGCAAGGTTATTAATTAATGATGAC 1069
Db 3098 ATGATATCTATGTAGAGTTGATGACGAGTGGACAAGGCGCTTATTTGATGATACAA 3157

```

```

Qy 1070 GAATGCTATPACAATATGATGACTTTACACAGGATTTACGAGATGGCAGCAGAGAA 1129
Db 3158 GAATATATTTATTTAAATGATGATTTTACACAGGAGTAAAGGGTGCATGTATCTGAA 3217
Qy 1130 ATGCCGCGTACACAACAATGATGATGAGCTTCAGTATTAATGTTCAATTTGAGCGCG 1189
Db 3218 ATGCAAGCTACACAACAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 3277
Qy 1190 GGGTATCTCAAACTGATGCTCAGATCATCATGATATGATGATGATGATGATGATGATG 1249
Db 3278 GCGTATCTCAAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 3337
Qy 1250 AAAAAGAGACCTGGAAGAAAGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1309
Db 3338 AAAAAGAGACCTGGAAGAAAGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 3397
Qy 1310 CACTTAAGTTCATCTTCTGCAAGAAAGATATATGACAAAACAGTAGAGTATTTCCAG 1369
Db 3398 AATTGACGTTTACCTCTTGTGAAGAAAGATATATGAGAAAGAGATGATGATGATGATG 3457
Qy 1370 AAAGTATCGTATCGGATTTGAATAGAGAAACCGAAGGTACATTTATATAGATGCA 1429
Db 3458 ATACAGATCGTATCGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 3517
Qy 1430 TCGAGTTCCTTGTATGCAAG 1450
Db 3518 TTGAATTAATTTGCATGAACG 3538

```

```

RESULT 2
PCT-US94-07902-27
Sequence 27, Application PC/TUS9407902
GENERAL INFORMATION:
APPLICANT:
APPLICANT: Street address: 4980 Carroll Canyon Road
APPLICANT: City: San Diego
APPLICANT: State/Province: California
APPLICANT: Country: US
APPLICANT: Postal code/Zip: 92121
APPLICANT: Phone number: (619) 453-8030 Fax number: (619) 453-6991
APPLICANT: Title of invention: Materials and Methods for the Control of
TITLE OF INVENTION: Calliphoridae Pests
NUMBER OF SEQUENCES: 31
CORRESPONDENCE ADDRESS:
ADDRESS: David R. Saliwanchik
STREET: 2421 N.W. 41st Street, Suite A-1
CITY: Gainesville
STATE: FL
COUNTRY: USA
ZIP: 32606
COMPUTER READABLE FORM:
MEDIUM TYPE: Floppy disk
COMPUTER: IBM PC compatible
OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
SOFTWARE: Patent Release #1.0, Version #1.25
CURRENT APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER: PCT/US94/07902
FILING DATE:
CLASSIFICATION:
ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
NAME: Saliwanchik, David R.
REGISTRATION NUMBER: 31,794
REFERENCE/DOCKET NUMBER: MA79
TELECOMMUNICATION INFORMATION:
TELEPHONE: 904-375-8100
TELEFAX: 904-372-5800
INFORMATION FOR SEQ ID NO: 27:
SEQUENCE CHARACTERISTICS:
LENGTH: 3543 base pairs
TYPE: nucleic acid
STRANDEDNESS: single

```

TOPOLOGY: linear  
MOLECULE TYPE: DNA (genomic)  
PCT-US94-07902-27

Query Match 45.3%; Score 763.8; DB 6; Length 3543;  
Best Local Similarity 71.9%; Pred. No. 13e-183;  
Matches 1050; Conservative 0; Mismatches 387; Indels 24; Gaps 3;

2 TGAGTCCTATGTTTACAGTAGTACGAAAAATACGTTAAATAATAGAACGACAGATTATG 61  
Db TTAATACATTTTATGCAATCTTATATAAAAAACATTTTCAATCAGAACCTTACAGATTATG 2149  
Qy 2090 TTAATACATTTTATGCAATCTTATATAAAAAACATTTTCAATCAGAACCTTACAGATTATG 2149  
Db 62 AAATAGTACAGCGGCCATTCTATAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 121  
Qy 2150 ACATAGATCAAGCCGCAATCTTGGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2209  
Db 122 AAATAGTATGAGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 181  
Qy 2210 AAATGCTTATTTAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2269  
Db 182 TCCAAATGAGACTT-----TCTGGGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 235  
Qy 2270 TTTCAAAAGGGGATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2329  
Db 236 TAGGATCCATATCTTATTTTAAAGGAAATTTCTACAGATGCGTGGAGCAGACAGACA 295  
Qy 2330 TTCAAGAGATGATCTTATTTTAAAGGCAATTCCTCATATGCTGGGGGAGAGAGAA 2389  
Db 286 TATATGAACTCTATTTTCCAACTATCTGTCAGAAAAATGATGATGATGATGATGATGATG 355  
Qy 2390 TTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2449  
Db 356 CATATACAGCTTATCGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 415  
Qy 2450 CGTATACAGCTTATCGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2509  
Db 416 TAAACGTTAGGGGAAAGAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 475  
Qy 2510 TTTTCAGCTATGGGAGAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2569  
Db 476 TGCAGCTTATCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 535  
Qy 2570 TGTATCTCTTCTAC-----CTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2617  
Db 536 AAGGCTATCTTACACCAACAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 595  
Qy 2618 CCGCTGTCGGCTTAACTGGGAACCTTCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2677  
Db 596 TAGATGAAAGCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 655  
Qy 2678 CAGGGAAGAGCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2737  
Db 656 GAGAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 715  
Qy 2738 GGGCATTTAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2797  
Db 716 ATGATATGCTTACATAGGGAATCTAGAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 775  
Qy 2798 ATGATATGCTTACATAGGGAATCTAGAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2857  
Db 776 CATTGGCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 835  
Qy 2858 CACTGTCAAGCGTGAACACATGAGAGAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2917  
Db 836 GGGAAACACAAACCTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 895  
Qy 2918 CGGAAACACAAACCTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2977  
Db 896 AACAGAG-----GTTACATATCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 949  
Qy 2978 TACAGATGAGGCTTACAGTTTGAATGACACCTGCTCAATTTAGTACGCTGAGTAT 3037  
Db 950 TGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1009

Db 3038 TGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 3097  
Qy 1010 ATG 1069  
Db 3098 ATG 3157  
Qy 1070 GAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1129  
Db 3158 GAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 3217  
Qy 1130 ATGCGGCTTACAAACCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1189  
Db 3218 ATGCGGCTTACAAACCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 3277  
Qy 1190 GGTATGCTCAAACTTGCATGCTCAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1249  
Db 3278 GGTATGCTCAAACTTGCATGCTCAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 3337  
Qy 1250 AAAAAAGAGCTGGAAGGCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1309  
Db 3338 AAAAAAGAGCTGGAAGGCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 3397  
Qy 1310 CACTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1369  
Db 3398 AATG 3457  
Qy 1370 AAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1429  
Db 3458 ATG 3517  
Qy 1430 TCGAGTCTTGTATGCAAG 1450  
Db 3518 TTGAATATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 3577

RESULT 3  
US-10-089-678-2  
Sequence 2, Application US/10089678  
Patent No. 6962977  
GENERAL INFORMATION:  
APPLICANT: ASANO, Shinichi  
TITLE OF INVENTION: PROTEIN HAVING INSECTICIDAL ACTIVITY, DNA ENCODING THE PROTEIN, A  
FILE REFERENCE: NOXIOUS ORGANISM-CONTROLLING AGENT AND METHOD  
CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/089, 678  
PRIOR FILING DATE: 2002-04-03  
PRIOR APPLICATION NUMBER: JP 2000-236140  
PRIOR FILING DATE: 2000-08-03  
PRIOR APPLICATION NUMBER: PCT/JP01/06660  
PRIOR FILING DATE: 2001-08-02  
NUMBER OF SEQ ID NOS: 3  
SOFTWARE: PatentIn version 3.1  
SEQ ID NO 2  
LENGTH: 3504  
TYPE: DNA  
ORGANISM: Bacillus thuringiensis  
FEATURE:  
NAME/KEY: exon  
LOCATION: (1)..(3501)  
OTHER INFORMATION:  
US-10-089-678-2

Query Match 22.5%; Score 379; DB 3; Length 3504;

Best Local Similarity 56.7%; Pred. No. 4.4e-86;  
Matches 839; Conservative 0; Mismatches 555; Indels 87; Gaps 4;

Qy 22 AGTACGAAAAATACCTTAAAAATAGAAACGACAGATTATGAAATGATCAAGCGGCATT 81  
Db 2062 AGTAAAAAAGATGCTTACAGACAGAGTAAAGATATCAAGTAAATCAAGCGGCAAC 2121  
Qy 82 TCTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 141

```
Dh 2122 TTAGTAGAATGCTATCCGATAGATTATACCCAAATGAAAAAGAAATGTTATGGGATGCA 2181
Qy 142 ATAAAACGGCAAAACCACTAGTCAGTCGTGTAATCTACTCCAAATGAGACTTTTCT 201
Db 2182 GTGAAAGGCGAAACGACTGTTCAAGGACAGTACTTACTACAGATACAGGCTTTAAT 2241
Qy 202 GGGAAATGAT-----TGGACATTCGGTATGATATTAATCATAGATCCAAATAT 249
Db 2242 AGGATTAATGAGAAAAACGATGACCGGGAAGTAACGGAAATCGAGGTTGCCGAAGGAAAT 2301
Qy 250 CCTATTTTAAAGAAAAATTTCTACAGATGCGTGAGCAGACAGATATATGAACTCTA 309
Db 2202 GTTCTGTTTAAAGATCGTTCCTTCGTTTGACAAAGTCGAGAGATGATACAGAAACA 2361
Qy 310 TTTTCCAACTATCTGTCAAAAAATAGATAGCTTAATTTAAACCAATATACGTTAT 369
Db 2262 TATCCAAAGTATCTCTATCAACAAATAGATAAATCACTTTTAAACCAATATACAGATAT 2421
Qy 370 CGAGTAAGAGGTTTGTGGGAAGTATGTAAGATTTGAATTAATGTAACAAGTTACCGG 429
Db 2422 AAACCTAAAGGTTTATAGAAAGTATGCAAGATTTAGAGATTTAATTAATAGTCATCGG 2481
Qy 430 AAAGAAATGATGCTATCATGATGATCCAAATGATTTGCGCTATATGCAAGCTTAATCT 489
Db 2482 GCAATCAATCGTCAAAAAATGTAACAGATATATCTTGCCAGATGTACTCCCTGTCAT 2541
Qy 490 TCATGTGAGATTTATCGCTGTGAATCATGCTCTAGTATGAGCAGAAAGGATTCCTTACA 549
Db 2542 TCTTGTGTGGATCGATCGCTGCAAGTACAGCAACGATATG----- 2582
Qy 550 CCAACAGATGATATGCTCCCGATATGATCATGCGCCGCAAAATATAGATAGAAAGCAT 609
Db 2583 -----AGACGCGAATTTAGACACTCGAAACCAATGAGAAAAATGGA 2622
Qy 610 GTGAGTGTCAAGTCGTCAATCATTTGATTTTCAATTTGACACCGGAAAGTATGATACA 669
Db 2623 AATATGCTTCTGATTCCTCATGATCTTTCTTCCATTTGATATACAGGTAATATGATTTG 2682
Qy 670 AATACAAATGATGATTTGATGCTTATTAATAATTTCTATCCAGATGATAGGCTTACA 729
Db 2683 AATAAATATACAGAAATTTGGGTGCTATTTAAATTTCCGACAAACAAATGATATAGCAACA 2742
Qy 730 GTAGGGAATCTAGAAATGATGAAAGAACCACTTAACAGGTGAAAGCATTTGSCATGTG 789
Db 2743 CTAGGAATCTTGAATTTGTAAGAGAGGCGCAATTTGACGGGAAACATTTGAACGAGCA 2802
Qy 790 AAACAAAGGAAAAAGAAATGGAACACATGAGAAAAAAAGCTTGGAAAAACACAA 849
Db 2803 CAACAAACAAAGAAACAAATGCAAGACAAAAATGGCAAGAAAAAGTGGGCGATCAGAAAAA 2862
Qy 850 GCCATGATCGAGCAAAACAGGCTGTGATGATCATTTATTCAATGAACAGATTCAC 909
Db 2863 GCATATTTATGCAAGCAAGCAATGATGTTTATTCGCAAGTATACAGAACCAAAAA 2922
Qy 910 TATCATATTTACTTTAGA-----TCATATTCAAAACGCTGATCGACTGTAAGTCGAT 963
Db 2923 CTTAATTTCTGCTGTAAGAAATGTCAGATATGTTGGAGCGCAAAACCTTGTACAGTCCATT 2982
Qy 964 CCTATGATATACATTAATTTGTTACCGAATGCTCCAGGTATGAACATGATGATATCA 1023
Db 2983 CCTTACGATATTAATGATGCTGTACAGAAAAATCCCTGGAATGAACCTAATACAGATTTTACA 3042
Qy 1024 GAGTTAAACGACGATATCATGCAAGGTTAATATTTATATGATGCAAGAAATGTCATACA 1083
Db 3043 GAGTTAAACAAATATGCTCAACAGCATGGAATTTGATGATCTTGCAAATGCTATACCA 3102
Qy 1084 AATGATGCTTTTACACAGATTTACAGGATGCGACGCAAGCAAGAAATGCCCGGTACAA 1143
Db 3103 AATGGAATTTTTCGAAATGATTAAGTATGTAATGGAATGCAATCAGATGTAATGTGAA 3162
Qy 1144 CAATATGATGAGCTTCAATTAATTTCTATCAAAATTTGAGCGCGGGGATCTTCAAAAC 1203
Db 3163 CAATTAAGCGATATCATCTGTCTGTCACTTCAAACTGGAATTCCTCAAGTCTCAACAA 3222
```

```
Qy 1204 TTGCATGCTCAAGATCATCATGATATGTTACGTGTGATTTGCCAAAAAGAGGACT 1263
Db 3223 TTTTACATTTCAACCGAATTTATGATATGTTAGTGTCTACAGGAAAAAGAGGAGTA 3282
Qy 1264 GGAAGAGGATGTAATGATGATGATGTTGTAATGAAAAAGCAAGAAACATTAAGTTCACT 1323
Db 3283 GGAACGGAATATGATGATCATCCGATGATGTCGAAATCAGCAAAACATTCACATTTAAT 3342
Qy 1324 TCTTGCAGAAAG-----GATATATGACAAAAACA 1353
Db 3343 ATATGTATATATATATACAGGTTTATATCTGCTGATCAAACTAGCTATATCAACAAACA 3402
Qy 1354 GTAGAGTATTTCCAGAAATGATTCGTGTACGATTTGAATTAAGAGAAACGGAAGTACA 1413
Db 3403 GTGGAATTCATCTCATCTATACAGAACAGTTTGGATTTGACATGATGAGACGGAAGTGA 3462
Qy 1414 TTTTATATTAAGATGATCATGAGTTGCTTTGTAATCAAGGATTA 1454
Db 3463 TTCAACATTAAGAAAGTATGAACTCGTGTATGAAGAAAGATA 3503
```

```
RESULT 4
US-10-089-678-3
; Sequence 3, Application us/10089678
; Patent No. 6962977
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: ASANO, Shinichiro
; TITLE OF INVENTION: PROTEIN HAVING INSECTICIDAL ACTIVITY, DNA ENCODING THE PROTEIN, AND
; FILE REFERENCE: 068821
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/089,678
; PRIOR FILING DATE: 2002-04-03
; PRIOR APPLICATION NUMBER: JP 2000-236140
; PRIOR FILING DATE: 2000-08-03
; PRIOR APPLICATION NUMBER: PCT/JP01/06660
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 3
; SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 3
; LENGTH: 3690
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Bacillus thuringiensis
US-10-089-678-3
```

```
Query Match 22.5%; Score 379; DB 3; Length 3690;
Bee Local Similarity 56.7%; Pred. No. 4.5e-86;
Matches 839; Conservative 0; Mismatches 555; Indels 87; Gaps 4;
```

```
Qy 22 AGTACGAAAAATACGTTAAATAATGAAAAAGACAGATTTATGAAATAGATCAAGCGCCATT 81
Db 2248 AGTAAAAAAGATGCTTTACAGACAAAGTATACGGAATTTATCAAGATATCAAGCGCAAC 2307
Qy 82 TCTATGAATGTAATGTCAGATGAAACAAATCTTCAGAAAAAATAATGTTATGGATGAA 141
Db 2308 TTAGTAGAATGCTTATCCGATGATGATTAATCCAAATGAAAAAGAAATGTTATGGATGCA 2367
Qy 142 ATAAAACTGGCAAAACAACTTATGTCAGTCTCGTAATTTACTCCAAAAATGAGACTTTCT 201
Db 2368 GTGAAAGGCGAAACGACTTGTTCAGGACAGTAACTTACTCCAAATATACAGGCTTTAAT 2427
Qy 202 GGGAAATGAT-----TGGACATTCGGTAAATGATTTATCAATAGATCCAAATAT 249
Db 2428 AGGATTAATGAGAAAAACGATGACGGAAGTAACGGAATTCAGATTTGCGGAAGAGAT 2487
Qy 250 CCTATTTTAAAGAAAAATTTCTACAGATGCGTGAGACAGAGACATATATGAACTCTA 309
Db 2488 GTTCTGTTTAAAGATCGTTCGCTTCTGTTTGAACAAGTSCGAGAGATGATTAACAGAAACA 2547
Qy 310 TTTTCAACCTATATCTGTCAAAAAATAGATGAGTCTTAATTTAAACCATATACAGCTTAT 369
Db 2548 TATCCAAAGTATCTCTATCAACAAATAGATGAATCACTTTTAAACCATATATACAGATAT 2607
```

Oy	370	CGAGTAAGAGGGCTTTGGCGAAAGTATTAAGATTGGAATTTAAATGGTAAACAGCTTACGGG	429
Db	2608	AAACTTAAAGGTTTTTATAGAAAGTAGTCAGATTTAAGATTTAAATTAATACGTCACCGG	2667
Oy	430	AAAGAAATTTGATGCTATCATGAAATGTTCCAAATGATTTGGCCTTAATGACCTTAATCCT	489
Db	2668	GCAAAATCAAAATGCTCAAAAATGTACACAGATATCTCTTGCCAGATGTACTCCTGTGCAT	2727
Oy	490	TCATGTGGAGATTATCCGTGTGAATCATCGTCTCAGTATGTGAGCCAAAGGATATCTACA	549
Db	2728	TCCTGTGGTGGATCGATCGCTGCAGTAGGCAACAGTATGT-----	2768
Oy	550	CCAACAGATGGAATATGCTCCCGATATGATATGCATGCCGCAAAATATATGATAGAAGCAT	609
Db	2769	-----AGAGCGCAATTTAGCATCGAATAACATGAGAAAATGGA	2808
Oy	610	GTGAAGTGTCAAGATTCGTCAATCCATTTGATTTTCATATATGACACCGGAGAGTATGATACA	669
Db	2809	AATATGCTTCTGATTCCTCATGCAATTTCTTCCATATATGATACAGTGAAATATGATTTG	2868
Oy	670	AATACAAATGTAGTATTGATGTCTTATTTAAAAATTTCTAATCCAATGATATCGTTACA	729
Db	2869	AATGAAATATACAGGAATTTGGGTGTAATTTAAAAATTCGACAAACAAATGTATACGCAACA	2928
Oy	730	GTAGGGAATCTAGAAAGTCATTTGAAGAAAGGACACATACAGGTGAAGCATTTGGCAATGTG	789
Db	2929	CTAGGAAATCTTGAATTTGTATGAAAGAGGGGCCATTGTCTACAGGGGAAACATTAAGAACGACA	2988
Oy	790	AAACAAAAGAGAAAAGAAATGGAACAACACATGAGAAAAAACGTGGGAAACACAAACA	849
Db	2989	CAACACACAGAACACAAATGGCAGACAAATATGGCAAGAAAACGTGGGCAATCAGAAAA	3048
Oy	850	GCCATATATCCAGCAAAAACAGCTGTAGATCATTTATTAACAAATGAACAAGATTACAC	909
Db	3049	GCATATTTATGACAGAAAGCAAGCAATGTATGTTTTATCGCAGATTAACAAGACAAA	3108
Oy	910	TATCATATATCTTTAGA-----TCATATTCAAAACGTGATTCGACTGTATCACTGCATT	963
Db	3109	CTTAATTTCTGGTGTAGAAATGTCAGATATATGTTGGCAGCCAAAACCTTGTACATGTCAAT	3168
Oy	964	CCCTATGATATACATTAATTTGGTTACCCGAATGCTCCAGGTATGAACTATGATATATCAA	1023
Db	3169	CCTTATCGTATTAATGATGCGTTACAGAAATCCCTGGAATGMACTATACAGATTTTACA	3228
Oy	1024	GAGTTAAACGACGATCATGCAAGGTTATTAATTAATATATGATGACGAAATGTCAATACA	1083
Db	3229	GAGTTAAACAAATATGACTCCAAACAAGCATGAATTTGTATGATCTTCGAAATATGCTATACA	3288
Oy	1084	AATGTGTACTTTACACAGATTTACAGGAGATGCGACGCAACAGAAATCCCGCGGTACA	1143
Db	3289	AATGTAGATTTTTCGAAATGGAATGAATGAATGTGAATGCAATCAAGATGTGAATGTGCAA	3348
Oy	1144	CAAAATGATGAGGTCAGTATTTAGTTGTTATCAAAATTTGAGACGGGGGTATCTCAAAAC	1203
Db	3349	CAACTAAGCGATACATCTGTCTTGTCAATCCAAACTGGAATTTCTCAAGTGTACACACAA	3408
Oy	1204	TTGCAATGCTCAAGATCATCATGATATGTGTACGTGTGATTTGCCAAAAAAGAAAGACCT	1263
Db	3409	TTTACAGTTCAACCGAATTTATAGATATGTGTTAAGTGTCAACAGGAGAAAAAGAGAGTA	3468
Oy	1264	GGAAAAAGGATATGTAACGATGTGATTTGTAAATGAAGACAGAAACCTTAAGTTCACT	1323
Db	3469	GGAGCGGATATGTGATCATCCGTGATGTGCAATCAGACAGAAACCTCACATTTAAT	3528
Oy	1324	TCCTTGGCAAGAG-----GATATATGACAAAACCA	1353
Db	3529	ATATGTGTATGATATACAGGTGTTTTATCTGCTATCAAACTAGTATATACAAAAACA	3588
Oy	1354	GTAGAGGTATTTCCAGAAAGTATCGTGTACGGAATTTGAATAGGAAACCGAAGGTACA	1413
Db	3589	GTGGAATTCACCTCATCTTACAGAGCAAGTTTGGATTTGACATGAGTGAACCGAAGGTGTA	3648
Oy	1414	TTTATATATAGATGAGATGCAATGCTTTTGTATGCAAGATA	1454

Db 2353 GAGCGAAGACGACTTGTTCAGGACGTAACTTACTCAAGATACAGGCTTTAATAGATT 2412  
Qy 208 GAT-----TGGACATTCGGTAATGATATATATCATAGATCCAAATATCTCTATT 255  
Db 2413 AATGAGAAAAAGATGACGGGAAGTACGGGAATCGAGTTGTGAAAGAGATTTCTG 2472  
Qy 256 TTTAAAGAAAAATTTCTACAGATCGGTGAGACACATATATGAACTCTATTTTCCA 315  
Db 2473 TTTAAAGATCGTCCCTTCGTTTGAACAAGTCGAGAGAGATGATACAGAAAATATCCA 2532  
Qy 316 ACCTATATCTGTCAAAAAATAGATGATCTAAATTTAAAAACCATATACAGTTATCGAGTA 375  
Db 2533 ACGTATCTCTATCAACAATATAGATGAATCGCTTTAAAAACCATATACAAAGATATAACTA 2592  
Qy 376 AGAGGTTTGTGGGAAGTAAGTAAGATTGAAATTAAATGTGAACCGTTACGGGAAAAA 435  
Db 2593 AAAAGTTTAAAGAAAGTACAAAGATTTAGAGATTTAAATATCGTATCGGGCAAAAT 2652  
Qy 436 ATTGATGCTATCATGAATGTTCCAAATGATTTGGCTTATATGACAGCTTAATCTCATGT 495  
Db 2653 CAAATCGTCAAAAAATGTACAGATATATCTTTGCCAGATGACGCCCTGTCAATTTCTGT 2712  
Qy 496 GGAAGTATCGCTGTAATCATGTCGTCTCAATGTGTGAGCCAAAGGTATCTTACACCAA 555  
Db 2713 GGTGAGTTCGATCGCTGACAGTGAACAAGATGTAGACGCAATTTAGCACTCGAAAA 2772  
Qy 556 GATGATATGCTCCCGATATGTATGCAATGCCCGCAAAATATATAGATGAAGATGTGAAG 615  
Db 2773 AATGAGAAAAATGAAAAATATGCTTCT----- 2799  
Qy 616 TGTCAAGATCGTCACTTATTTGATTTTCAATATTTGACACCGGAGAGATGATCAATACA 675  
Db 2800 -----GATTCCTCATGATTTTCTTTCATATGATACGGGGAAATGATTTGAATGAA 2853  
Qy 676 AATGATGATTTGATGTCTTATTTAAAAATTTCTAATCCAGATGATACGTAAGTACAGT 735  
Db 2854 AATACAGGAATTTGGATGATGATTTTAAAAATCCGACAAACAAATGAAACCAACTAGGA 2913  
Qy 736 AATCTAAGATCATTTGAAGAAAGACCACTAACAGGTGAAGATTGGCACTGTGAAAAA 795  
Db 2914 AATCTGAAATTTGTAAGAAAGGGGCAATTTGTCAGGGGAAACCTTAAATGGCCCAACAA 2973  
Qy 796 AAGGAAAAAATGGAACAACACATGGAAGAAAAAAGTTGGGAAACAACAACAGCTAT 855  
Db 2974 CAAGAACAAATGTCAGAACAAATGCGAAGAAACCTGACGATCTGAAAAAACATAT 3033  
Qy 856 GATCCAGAAAAAGCGTGTGATGATTTTATCAAAATGAACAAGTTACATATCAT 915  
Db 3034 TATCGACGAAAGCAAGCATTTGATTTATTCGCAATATCAAGACCAAAAACTTATAT 3093  
Qy 916 ATTACTTAGA-----TCATATTCAAAAAGCTGATTCAGCTGTACATTCCTCTAT 969  
Db 3094 TCTGCTGTAAGAAATGTCAAGATTTGTTGGACGCCAAAACTTTGACATTCCTTAC 3153  
Qy 970 GTATACCTTAATTTGGTACCGAATCTCCAGGTATGAATGATATATCAAGATTA 1029  
Db 3154 GTATATATGATGCTTACCGGAATCCCTGGAATGAATATACAGATTTTACAGAGTTA 3213  
Qy 1030 AACGACGATATGCAAGGTTATTAATTTATATGATGACGAATGTCTATAACAATG 1089  
Db 3214 ACAATATACCTCAACAAGCATGAAATTTGATGATCTTCAAAACGCTATACCAATGGA 3273  
Qy 1090 GACTTTACAAAGATTACAGGATGACACCAACAGAAATGCCGCGTCAACAATG 1149  
Db 3274 GATTTTCGAAATGATTAAGTAATTTGAAATGCAACATCAGATTAATGTCAACAACTA 3333  
Qy 1150 GATGAGCTTCAATATGATTTCTATCAATTTGAGACGGGGGTATCTCAAACTTTGAT 1209  
Db 3334 AGCGATATCATCTGTCCTTGTCTATTCGAACTGGAATTTCAAGATCTCAACAATTTTCA 3393  
Qy 1210 GCTCAAGATCATCATGATATGTGTTACGTGTGATGTCAAAAAAGAGACCTTGAAAA 1269  
Db 3394 GTTCAACCGAATTTATGATATGTGTTACGTGTCAACAGGAGAAAAAGAGGTAGAGAC 3453

Qy 1270 GGGTATGAACGATGATGATTTGATATGAAAGAGAGAAACACTTAAGTTCATCTTGC 1329  
Db 3454 GGATATGATCATTCCTGATGTTGTCAAATCATGACAGAAACATCTCACTTAATATATGT 3513  
Qy 1330 GAGAGAG 1336  
Db 3514 GATGATG 3520  
RESULT 6  
US-08-272-887-1  
; Sequence 1, Application US/08272887  
; Patent No. 5747450  
; GENERAL INFORMATION:  
; APPLICANT: Onda, Michio  
; APPLICANT: Iwanana, Hidemori  
; APPLICANT: Sato, Reichi  
; APPLICANT: Suzuki, No. 5747450kazu  
; APPLICANT: Ogiwara, Katsumichi  
; APPLICANT: Sakanaka, Kazunobu  
; APPLICANT: Hori, Hidetaki  
; APPLICANT: Asano, Shouji  
; APPLICANT: Kawasaki, Tadaaki  
; TITLE OF INVENTION: No. 5747450el Microorganism and Insecticide  
; NUMBER OF SEQUENCES: 2  
; CORRESPONDENCE ADDRESS:  
; ADDRESSEE: David R. Saliwanchik  
; STREET: 2421 N.W. 41st Street, Suite A-1  
; CITY: Gainesville  
; STATE: FL  
; COUNTRY: US  
; ZIP: 32606  
; COMPUTER READABLE FORM:  
; MEDIUM TYPE: Floppy disk  
; COMPUTER: IBM PC compatible  
; OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS  
; SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25  
; CURRENT APPLICATION DATA:  
; APPLICATION NUMBER: US/08/272,887  
; FILING DATE: 08-JUL-1994  
; CLASSIFICATION: 800  
; PRIOR APPLICATION DATA:  
; APPLICATION NUMBER: US 07/915,203  
; FILING DATE: 23-JUL-1992  
; ATTORNEY/AGENT INFORMATION:  
; NAME: Saliwanchik, David R.  
; REGISTRATION NUMBER: 31,794  
; REFERENCE/DOCKET NUMBER: M/K 301  
; TELECOMMUNICATION INFORMATION:  
; TELEPHONE: 904-375-8100  
; TELEFAX: 904-372-5800  
; INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1:  
; SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
; LENGTH: 3797 base pairs  
; TYPE: nucleic acid  
; STRANDEDNESS: single  
; TOPOLOGY: linear  
; MOLECULE TYPE: DNA (genomic)  
; ORIGINAL SOURCE:  
; ORGANISM: Bacillus thuringiensis  
; STRAIN: japonensis  
; INDIVIDUAL ISOLATE: Bulbul  
; FEATURE:  
; NAME/KEY: CDS  
; LOCATION: 187..3636  
; US-08-272-887-1  
Query Match 21.2%; Score 357.4; DB 2; Length 3797;  
Best Local Similarity 56.8%; Pred. No. 1,4e-80;  
Matches 754; Conservative 0; Mismatches 516; Indels 57; Gaps 3;  
Qy 28 AAAAAATCGTTAAATATGAAGACAGATTTATGAATATAGATCAAGCGGCATTTCTATA 87



INDIVIDUAL ISOLATE: Bulbul  
 FEATURE: CDS  
 NAME/KEY: 187..3636  
 LOCATION: 187..3636  
 US-08-789-449-1

Query Match 21.2%; Score 357.4; DB 2; Length 3797;  
 Best Local Similarity 56.8%; Pred. No. 1.4e-80;  
 Matches 754; Conservative 0; Mismatches 516; Indels 57; Gaps 3;

QY 28 AAAAAATACGTTAAAAATAGAAACGACAGATTATGAAATAGATCAAGCGGCCATTTCTATA 87  
 DB 2223 AAAGATGCTTACACAGACAGTGTAAACGATATATCAAGTCAATCAAGCGGCAAACTTAATA 2292  
 QY 88 GAATGTATGTACAGTGAACAAATCTCTACGAAAAAAATTAATGTTATGGATGAATATAA 147  
 DB 2293 GAATGCCATTCGATGAGATTATACCAATGAAAAACAATGTTATGGGATGCACTGAAA 2352  
 QY 148 CTGGCAAAACAACCTAGTCTGCTATCTACTCCAAAATGGAGACTTTTCTGGGAA 207  
 DB 2353 GAGGCAAAACGACTTGTTCAGGACGTAATCTTACCAAGATACAGGCTTTTATAGGAA 2412  
 QY 208 GAT-----TGGACATTCGGTAATGATATTATCATAGATCCAAATATCTATT 255  
 DB 2413 AATGGAGAAAACGATGGACGGAGATACGGGAATCGAGTTGTGAAGAGATGTTCTG 2472  
 QY 256 TTTAAAGAAAAATTTCTACAGATGCTGAGACACAGACATATATGAACTCTATTCCA 315  
 DB 2473 TTTAAAGATCGTTCCTTCGTTTGACAAATGGAGAGATGATTAACAGAAACATATCCA 2532  
 QY 316 ACCTATATCTGTGCAAAAAATAGATGATCTAAATTAACCATATACAGTTATCGAGTA 375  
 DB 2533 ACGTATCTCTATCAACAAATAGATGATATCGCTTTAAACCATATACAGATATATACTA 2592  
 QY 376 AGAGGTTTGTGGAGAGTAAAGATTGAATTAATGTTAACAAGTTACGGGAAAAA 435  
 DB 2593 AAAGGTTTATAGAGAAATAGTCAAGATTAGAGATTAATTAATATCGTCATCGGCAAT 2652  
 QY 436 ATTGATGCTATCATGAATGTTCCAAATGATTTGGCTATATGCAACCTTATCTTCAGT 495  
 DB 2653 CAATTCGCAAAAATGTACCAAGATATCTTTGCAAGATGTAACGCCCTGTCAATCTTGT 2712  
 QY 496 GGAATATTCGCTGATCATCTGCTGATGATGAGCAAGGATCTCTACACACA 555  
 DB 2713 GGTGAGTCGATCGCTGACAGTGAACAACGATATGAGACGGAAATTTAGCACTGAAAAC 2772  
 QY 556 GATGATATGCTCCCGATATGTATGATGCCGCAAAATATAGATGAAGAAGATGTGAAG 615  
 DB 2773 AATGGAGAAAATGGAATATGTCCTCT----- 2799  
 QY 616 TGTACAGATCGTCACTTTGATTTTATATATGACACCGGAGAAATGATACAAATACA 675  
 DB 2800 -----GATCCCATGATTTTCTTTCCATATGATACGGGGAATGATTTGATGAA 2853  
 QY 676 AATGAGGATTTGATGTTATTAATAAATTTCTAATCCAGATGATGATGATGATGAGG 735  
 DB 2854 AATACAGGAATTTGATGCTATTTAAATTCGACAAACAATGGAAGCAACACTTAAAGA 2913  
 QY 736 AATCTAGAATCATTTGAAGAAAGACCACTAAACAGTGAAGCACTGTGAAACAA 795  
 DB 2914 AATCTGAATTTGTGAAGAGGGGCAATTTGTCAAGGGGAAACATTTGAATGGGCCAACAA 2973  
 QY 796 AAGGAAAAAATGAAACCAACACATGAGAAAAAAGTTGGGAAACCAACAAGCTTAT 855  
 DB 2974 CAAGAAACAACATGCAAGCAAAATGCAAGAAAACTGACGATTCGAAAAAACATAT 3033  
 QY 856 GATCAGCAAAACAGGCTGTGATGATCATTTTACAAATGAACAAGATTAACATCAT 915  
 DB 3034 TATGACGAAAGCAAGCAATGATGTTTATTCGAGATTTATCAAGACCAAAACTTAAT 3093  
 QY 916 ATTAATTTAGA-----TCATATTCAAAACGCTGATGCTGATGATGATGATGCTTAT 969  
 DB 3094 TCTGTGTGAAGAAATGTCAGATTTGTTGGACGCCAAAACCTTGTACAGTTCCTTAC 3153

QY 970 GTATACCATATTTGGTTACCGAATGCTCCAGGTATGAACATATGATATATACAGAGTTA 1029  
 DB 3154 GTATATATGATGCGGTATCCGGAATCCCTGGAATGAACATATACAGATTATACAGAGTTA 3213  
 QY 1030 AACCCAGTATCATGACGAGTTATTAATTTATATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1089  
 DB 3214 ACAATATGATCTCAACAAAGATGGAATTTGATATATCTTCAAAACGATATCAAAATGGA 3273  
 QY 1090 GACTTTACACAGGATTTACAGGATGCGACCAACAGAAATGCCGCGTTACAACAATG 1149  
 DB 3274 GATTTTCAAAATGATTAATGATTAATGGAATGCAACATCAGATGTAATGTCACAACTA 3333  
 QY 1150 GATGAGCTTCAGTATTAATGTTCTATCAAAATTTGAGCGCGGGGATGTCAAAACCTGAT 1209  
 DB 3334 AGCATATCATTTGCTTGTTCATTCAAAACGGAATTTCAAGTGTCAACAAATTTACA 3393  
 QY 1210 GCTCAAGTATCATGATATGTTTACGTTGATTCACAAAAGAGAGACCTGCAAAA 1269  
 DB 3394 GTTCAACGAAATTAATGATATGTTTACGTTGATTCACAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 3453  
 QY 1270 GGGTATGTACGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1329  
 DB 3454 GGATATGATCATCCGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3513  
 QY 1330 GAAGAG 1336  
 DB 3514 GATGATG 3520

RESULT 8  
 US-07-876-280-29  
 ; Sequence 29; Application US/07876280  
 ; Patent No. 5262158  
 ; GENERAL INFORMATION:  
 ; APPLICANT: Payne, Jewel M.  
 ; APPLICANT: Cannon, Raymond J.C.  
 ; APPLICANT: Bagley, Angela L.  
 ; TITLE OF INVENTION: No. 5262158e1 Bacillus thuringiensis Isolates for  
 ; NUMBER OF SEQUENCES: 30  
 ; CORRESPONDENCE ADDRESSES:  
 ; ADDRESSEE: David R. Saliwanchik  
 ; STREET: 2421 N.W. 41st Street, Suite A-1  
 ; CITY: Gainesville  
 ; STATE: FL  
 ; COUNTRY: USA  
 ; ZIP: 32606  
 ; COMPUTER READABLE FORM:  
 ; MEDIUM TYPE: Floppy disk  
 ; COMPUTER: IBM PC compatible  
 ; OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS  
 ; SOFTWARE: Patentin Release #1.0, Version #1.25  
 ; CURRENT APPLICATION DATA:  
 ; APPLICATION NUMBER: US/07/876,280  
 ; FILING DATE: 19970430  
 ; CLASSIFICATION: 514  
 ; ATTORNEY/AGENT INFORMATION:  
 ; NAME: Saliwanchik, David R.  
 ; REGISTRATION NUMBER: 31,794  
 ; REFERENCE/DOCKET NUMBER: M/S 104  
 ; TELECOMMUNICATION INFORMATION:  
 ; TELEPHONE: 904-375-8100  
 ; TELEFAX: 904-372-5800  
 ; INFORMATION FOR SEQ ID NO: 29:  
 ; SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 ; LENGTH: 3471 base pairs  
 ; TYPE: NUCLEIC ACID  
 ; STRANDEDNESS: double  
 ; TOPOLOGY: linear  
 ; MOLECULE TYPE: DNA (genomic)  
 ; HYPOTHEICAL: NO  
 ; ANTI-SENSE: NO

ORIGINAL SOURCE:  
 ORGANISM: *Bacillus thuringiensis*  
 STRAIN: kumamotoensis  
 INDIVIDUAL ISOLATE: PS50C  
 IMMEDIATE SOURCE:  
 CLONE: E. coli NMS22 (pMVC2320) NRRL B-18769  
 US-07-876-280-29

Query Match 18.5%; Score 311.8; DB 2; Length 3471;  
 Best Local Similarity 55.6%; Pred. No. 4,8e-69;  
 Matches 815; Conservative 0; Mismatches 547; Indels 105; Gaps 7;

QY 22 ACTAGAAAATACCTTAAATAGAAAAGACAGATTATGAATATGATCAACGCCATT 81  
 DB 2050 AATAAAAAGATGGCTTACGACAGAGTGAACGATTATGAATTAACCGGCAAC 2109  
 QY 82 TCTATAGATGATGTCAGATGAACAAATCTCAGAAAATAATATGTTATGGATGA 141  
 DB 2110 TTATGGAATGCTTATCGATATTTATATCCAAATGAAAAAGATTGTTATTTGATGCG 2169  
 QY 142 ATAAACTGGCAAAACAACTTAGTCAGTCTGTAATCTACCAAAATGAGACTTTTCT 201  
 DB 2170 GTGAGAGAGGCAAAACGCTTCAGTGGGCAAGTAACTTACTCAAGATCCAGATTTCCA 2229  
 QY 202 GGG-----AATGATTGACATTCGGTATGATATTTATCATAGATCCAAATAT 249  
 DB 2230 GAGATAAACGAGAAAATGATGGGCGGCAAGTACGGGAATTGAGATTGTAAGAGGGAT 2289  
 QY 250 CCTATTTTAAAGAAAATTTCTACAGATGCGTGAAGCAGACATATATGAACTCTA 309  
 DB 2290 GCTGATTTAAAGACGTTATCTACGCCCTACAGGTGCAAGAAATGATACGAAACG 2349  
 QY 310 TTTCCACCTATATCTGTCAAAAATAGATGAGTCTAAATTAATAACATATACAGTTAT 369  
 DB 2350 TATCCACGATCTGATCAAAAAGATGAGAAAGGTGATTAACCATATACAAAGATAT 2409  
 QY 370 CGAGTAAGAGGTTTGTGGGAAGTGAAGATTGAATTTGAATTAATGATACAGTTACGGG 429  
 DB 2410 AGACTGAAGAGGTTGTGGGAAGTGAAGATTGAATTTGAATTAATGATGATGATC-- 2466  
 QY 430 AAAGAATTGATGCTATCATGAATGTTCCAAATGTTGGCCTATATATGACGCTATCT 489  
 DB 2467 CAAGCAATGCAATGTATAAGATATGACCAATGATTTA----- 2505  
 QY 490 TCATGTGAGATTAATCGCTGTAATCATGCTCATGATATGAGCCAAAGGATCTCTACA 549  
 DB 2506 -TTGCCAGATGATCTCTGTAACCTGATGAGCAAGTAT-----CAATCGATGACGCA 2558  
 QY 550 CCAACGATGATGATGCTCCGATATGATGCAATGCCGCAAAATATATGATGAAGAAT 609  
 DB 2559 ACAAAGATGATGATGATGCGGTTTAGAAGAGAAAACCG----- 2597  
 QY 610 GTGAAGTGCAGATCGTATCATTTGATTTTCAATTTGACACCGGAGAAATGATATCA 669  
 DB 2598 -----TTCTGCTGATGACATATGATTTCTGCTCTCTATGATATATGAGAGCTGATATAC 2652  
 QY 670 AATACAAATGATGATGATGATGCTTATTTAAATTTCTAATCCAGATGATGATGATCA 729  
 DB 2653 AATGAATATGACGGAATATGAGTTGGAATTAAGATTAAGGACCCAGAGGATATACGAACA 2712  
 QY 730 GTAGGAATCTGAAGTCAATTAAGAGCACTAACAGGTGAAGCATTTGCCACATGTG 789  
 DB 2713 CTGTGAAATCTTGAATGATCGAAGAGGACCTTTGTCAAGAGACGCAATTAAGCGCTTG 2772  
 QY 790 AAAAAGAAAGAAAGAAAGAAACAAATGAGAAAAGAAAGAAAGAAAGAAAGAAAGAA 849  
 DB 2773 CAAAGAGAAAGAAAGAAAGAAAGAAATGACAAAGAAAGAAAGAAAGAAAGAAAGAA 2832  
 QY 850 GCTTATGATCCAGCAAAACAGGCTGTAGATGATTAATTTAAATGAACAAAGATTAAC 909  
 DB 2833 AGATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2892  
 QY 910 TATCATATTTACTTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 963

DB 2893 CTGAATTCCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2952  
 QY 964 CCTATGATATACCAATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1023  
 DB 2953 CCTTATGATATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3012  
 QY 1024 GAGTTAAAGCAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1083  
 DB 3013 GATATTAACAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3072  
 QY 1084 AATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1143  
 DB 3073 AATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3132  
 QY 1144 CAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1203  
 DB 3133 CAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3192  
 QY 1204 TTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1263  
 DB 3193 TTTACAGTTCAACCAATCAAAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3252  
 QY 1264 GGAAGAGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1323  
 DB 3253 GGAAGAGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3312  
 QY 1324 TCTTCG-----AAGAAGATATATGACAAACAA 1353  
 DB 3313 GCAAGCAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3372  
 QY 1354 GTAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1413  
 DB 3373 GTAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3432  
 QY 1414 TTTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1440  
 DB 3433 TTTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3459

RESULT 9  
 US-07-812-180A-1  
 ; Sequence 1, Application US/07812180A  
 ; Patent No. 536892  
 ; GENERAL INFORMATION:  
 ; APPLICANT: Foncerada, Luis R  
 ; APPLICANT: Payne, Jewel M  
 ; APPLICANT: Sick, August J  
 ; TITLE OF INVENTION: No. 536892el Coleopteran-Active Bacillus  
 ; TITLE OF INVENTION: thuringiensis isolate and a No. 536892el Gene Encoding a  
 ; NUMBER OF SEQUENCES: 2  
 ; CORRESPONDENCE ADDRESS:  
 ; ADDRESS: Roman Saliwanchik  
 ; STREET: 2421 N.W. 41st Street, Ste A-1  
 ; CITY: Gainesville  
 ; STATE: FL  
 ; COUNTRY: USA  
 ; ZIP: 32606  
 ; COMPUTER READABLE FORM:  
 ; MEDIUM TYPE: Floppy disk  
 ; COMPUTER: IBM PC compatible  
 ; OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS 5.0  
 ; SOFTWARE: Patentin Release #1.0, Version #1.25  
 ; CURRENT APPLICATION DATA:  
 ; APPLICATION NUMBER: US/07/812,180A  
 ; FILING DATE: 19920102  
 ; CLASSIFICATION: 435  
 ; ATTORNEY/AGENT INFORMATION:  
 ; NAME: Saliwanchik, Roman  
 ; TELECOMMUNICATION INFORMATION:  
 ; TELEPHONE: 904-375-8100  
 ; TELEFAX: 904-372-5800

```

; INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1:
;   SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;     LENGTH: 3471 base pairs
;     TYPE: NUCLEIC ACID
;     STRANDEDNESS: double
;     TOPOLOGY: linear
;   MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
;   HYPOTHETICAL: NO
;   ANTI-SENSE: NO
;   ORIGINAL SOURCE:
;     ORGANISM: Bacillus thuringiensis
;     STRAIN: kumamotoensis
;     INDIVIDUAL ISOLATE: PS50C
;   IMMEDIATE SOURCE:
;     LIBRARY: LAMBDAGEN (TM) - 11 LIBRARY OF LUIS
;     LIBRARY: FONCERRADA
;     CLONE: 50C
;   US-07-812-180A-1

```

```

Query Match      18.5%; Score 311.8; DB 2; Length 3471;
Best Local Similarity 55.6%; Pred. No. 4,8e-69;
Matches 815; Conservative 0; Mismatches 547; Indels 105; Gaps 7;

```

```

QY 22 AGTACGAAATACGTTAAATAGAAAAGACAGATTATGAAATAGATCAAGCGCCATT 81
DB 2050 AATACAAAAGATGCGTTACGACAGGTGTAACGGATTATGAAGTAAATCAAGCGCAAC 2109
QY 82 TCTATGAATGTATGTCAGATGAACAATACTCTCGAAAAAATATATGTATGAGTAA 141
DB 2110 TTAGTGAATGCTTATCGATGATTTATATCCAAATGAAAAACGATTTTATTTGATCG 2169
QY 142 ATAAACTGGCAAAACAACTTAGTCAGTCTGTAATCTACTCCAAATGAGACTTTTCT 201
DB 2170 GTGAGAGGCGAAACGCTCAGTGGGCGAGTAACTTACTACAGATCCAGATTTCCA 2229
QY 202 GGG-----AATGATTGACATTGGTAATGATTTATTCATAGATCCAAATAT 249
DB 2230 GAGATTAACGAGAAAATGATGAGGCGGCAAGTACGGAATTGAGAAAGGGAT 2289
QY 250 CCTATTTTAAAGAAAATTTCTACAGATCGCTGAGACGACGACATATATGAACTCTA 309
DB 2290 GCTGATTTTAAAGGCGTTATCTACGCTTACCGATGACGAGAAATTTATACGAAACG 2349
QY 310 TTTCACACTTATCTGTCAAAAAATAGATGAGTAAATTTAAACCATATACAGCTTAT 369
DB 2350 TATCCACGTATCTGTATCAAAAAGTAAAGAGGTGATTTAAACCATACACAGATAT 2409
QY 370 CGAGTAAAGGGTTTGTGGAAAGTAAAGATTTGAATTTAATGTTAAACGTTACGGG 429
DB 2410 AGACTGAGAGGGTTTGTGGAAAGTAAAGATTTAAGAAATTTATACATACGTAC--- 2466
QY 430 AAAAATTTGATGCTATCATGAAATTTCCAAATGATTTGGCGTATATGACACTTAATCT 489
DB 2467 CAACGAAATCGAATTTGTAAGAAATGTATACAGATGATTTA----- 2505
QY 490 TCATGTGAGAGATTTATCGCTGTAATCATCGTCTCAGTATGAGCCAGAGGATCTTACA 549
DB 2506 -TTGCCAGATGTATCTCTGTAAACTGTATGCGAGTAT-----CAATCGATGAGGA 2558
QY 550 CCAACAGATGATATGCTCCCGATATGTATGATGATCCGCAAAATATAGATGAAGAGAT 609
DB 2559 ACAAAAGATGTGATAGTACCGCTTTGAGAGAAAAACG----- 2597
QY 610 GTGAAGTCTCAGATTCGTCATCATTTTATTTTATATTTGACCCGAGAAAGTATGACA 669
DB 2598 -----TTCTGTGTATGACATGAGATTTCTCGCTCCCTATCGATATAGGAGACTGATTAAC 2652
QY 670 AATACAAATGTAGTATGATGTCTTATTAATAAATTTTCTAATCCAGATGATAGCTTACA 729
DB 2653 AATGAAATGACGAAATATGGGTTGATTTTAAGATTTACGACCCGAGAGGATAGCAACA 2712
QY 730 GTAGGGAATCTAGAAGTCAATTGAAGAGACCACTTAACAGGTGAAGCAATTGGCAATGTG 789

```

```

DB 2713 CTTGGAATCTTGATTAATGTCGAAAGAGGACCTTTGTCAAGAGACGATTAGAGCGCTTG 2772
QY 790 AAACAAAGAGAAAAGAAATGAAACACACATGAGAAAGAAAGCTTGGAAACACACACA 849
DB 2773 CAAGAGAGAAACAACAGTGAAGATTCAAATGCAAGAAAGACGTGAAGAGACGATAGA 2832
QY 850 GCTTATGATCCAGCAAAACAGGCTGTATGATCATTTATTTAATGAAACAGAGTTACAC 909
DB 2833 AGATACATGCGATGAAACAAGCGTATGATCGTTTATATCCGATTTATCGAGATCAACAA 2892
QY 910 TATCATATTAATTGATGATCA-----TTCAAAACGCTGATGATGATGATGATGAT 963
DB 2893 CTGAATCTGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2952
QY 964 CCGTATGATACCATTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1023
DB 2953 CTTACGATATTAACGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3012
QY 1024 GAGTTAAACGACGATCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1083
DB 3013 GAATTAACAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3072
QY 1084 AATGATCTTTACACAGATTAACAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1143
DB 3073 AATGATCTTTACACAGATTAACAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3132
QY 1144 CAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1203
DB 3133 CAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3192
QY 1204 TTGCATCTCAAGATCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1263
DB 3193 TTTCATCTTCAACGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3252
QY 1264 GGAAGAGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1323
DB 3253 GGAAGAGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3312
QY 1324 TCTTGGC-----AAGAGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1353
DB 3313 GCAAGCATTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3372
QY 1354 GTAGAGTATTTCCGAGAAAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1413
DB 3373 GTGACATTTATCCGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3432
QY 1414 TTTTATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1440
DB 3433 TTTTATATGAAAGTGTAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3459

```

```

RESULT 10
US-08-315-468-1
; Sequence 1, Application US/08315468
; Patent No. 5554534
; GENERAL INFORMATION:
;   APPLICANT: Michaels, Tracy Ellis
;   APPLICANT: Foncerra, Luis
;   TITLE OF INVENTION: Process for Controlling Scarab Pests
;   TITLE OF INVENTION: with Bacillus thuringiensis Isolates
;   NUMBER OF SEQUENCES: 6
;   CORRESPONDENCE ADDRESS:
;     ADDRESSEE: David R. Salivanchik
;     STREET: 2421 N.W. 41st Street, Suite A-1
;     CITY: Gainesville
;     STATE: FL
;     COUNTRY: USA
;     ZIP: 32606
;   COMPUTER READABLE FORM:
;     MEDIUM TYPE: Floppy disk
;     COMPUTER: IBM PC compatible
;     OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS

```

SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25  
 CURRENT APPLICATION DATA:  
 APPLICATION NUMBER: US/08/315,468  
 FILING DATE:  
 CLASSIFICATION: 424  
 PRIOR APPLICATION DATA:  
 APPLICATION NUMBER: US/08/014,941  
 FILING DATE: 01 FEB 1993  
 APPLICATION NUMBER: 07/828,430  
 FILING DATE: 30-JAN-1992  
 PRIOR APPLICATION DATA:  
 APPLICATION NUMBER: 07/808,316  
 FILING DATE: 16-DEC-1991  
 ATTORNEY/AGENT INFORMATION:  
 NAME: Saliwahchik, David R.  
 REGISTRATION NUMBER: 31,794  
 REFERENCE/DOCKET NUMBER: MA73.C2  
 TELECOMMUNICATION INFORMATION:  
 TELEPHONE: 904-375-8100  
 TELEFAX: 904-372-5800  
 INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1:  
 SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 LENGTH: 3471 base pairs  
 TYPE: nucleic acid  
 STRANDEDNESS: double  
 TOPOLOGY: linear  
 MOLECULE TYPE: DNA (genomic)  
 HYPOTHETICAL: NO  
 ANTI-SENSE: NO  
 ORIGINAL SOURCE:  
 ORGANISM: Bacillus thuringiensis  
 STRAIN: kumamotoensis  
 INDIVIDUAL ISOLATE: PS50C  
 IMMEDIATE SOURCE:  
 LIBRARY: LAMBDAGEN (TM) - 11 LIBRARY OF LUIS  
 LIBRARY: FONCERBADA  
 CLONE: 50C(a)  
 US-08-315-468-1

Query Match 18.5%; Score 311.8; DB 2; Length 3471;  
 Best Local Similarity 55.6%; Pred. No. 4,8e-69;  
 Matches 815; Conservative 0; Mismatches 547; Indels 105; Gaps 7;

QY 22 AGTACGAAATATCGTTAAATAAGAAACGACAGATTATGAAATGATCAGCGCCATT 81  
 DB 2050 AATACAAAAGATGCTTACGACAGATGTAAACGATTATGAAGTAAATCAACGGCAAC 2109  
 QY 82 TCTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 141  
 DB 2110 TTAGTGAATGCTTATCGATGATTTATATCCAAATGAAAACGATTGTTATTTGATGCG 2169  
 QY 142 ATAAATGCGCAAAACAACTTAGTCACTGCTGTAATCTCACTCAAAATGGAACCTTTCT 201  
 DB 2170 GTGAGAGGCAAAACGCTCAGTGGGCGACGTTAATTCTACAGATCCAGATTTCCAA 2229  
 QY 202 GGG-----AATGATTGACATTGCGTAATGATTTATCATAGATCCAAAT 249  
 DB 2230 GAGATAAACGAGAAATGATGAGCGCGCAAGTACGGGAATTGAGATTGTAGAAAGGAGT 2289  
 QY 250 CCTATTTTAAAGAAAATTTCTACAGATGCTGAGACGACGACATTAATGAACTCTA 309  
 DB 2290 GCTGATTTTAAAGCGTTATCTTACGCCCTACCGAGTGCAGGAAATGATAGCGAAACG 2349  
 QY 310 TTTCCACCTATATCTGTCAAAAATAGATGAGTCTAAATTTAAACCATATACAGTTAT 369  
 DB 2350 TATCCAGCTATCTGTATCAAAAATAGAGAGAGGTGTATTTAAACCATATACAGATAT 2409  
 QY 370 CGAGTAAAGGTTTGTGGAGATGATAAATTTGAAATTAATGTAACACGTTACGGG 429  
 DB 2410 AGACTGAGAGGTTTGTGGAGATGATCAAGGATTAGAAATTTATATGATACGTAC--- 2466  
 QY 430 AAGAAATTTGATGCTATCATGATTTCCAAATGATTTGGCCTATATGACGCTATCT 489

DB 2467 CAAACGAATCGAATTTGTAAGAATGTACAGATGTTA----- 2505  
 QY 490 TCATGTGAGATTATCGTGTGAATCATGCTCTCAATGTGAGCCAAAGGTATCTTACA 549  
 DB 2506 -TTGCCAGATGATATCTCTGTAAACTGTATGGCAGAT-----CAATCATGACAGCA 2558  
 QY 550 CCAACAGATGATATGCTCCCGATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 609  
 DB 2559 ACAAAGATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2597  
 QY 610 GTGAAGTCAAGATCGATCATGATTTGATTTTCAATATGACACCGAGAAAGTATGACA 669  
 DB 2598 -----TTCTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2652  
 QY 670 AATCAAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 729  
 DB 2653 AATGAAATGAGAGAAATGAGTTGATTTAAGATTACGAGCCGAGAGGATACCAACA 2712  
 QY 730 GTAGGAATCTAGAAAGTATGAAAGAGACCACTAACAGGTGAAGCATGSCATGTG 789  
 DB 2713 CTTGAAATCTGAAATTAATGTAAGAGGACCTTTGTCAAGAGACGATTAAGAGCGCTTG 2772  
 QY 790 AAACAAAGAAAGAAATGAAACCAACACATGAGAAAGAAAGCTTGGGAAACCAACAA 849  
 DB 2773 CAAGAGAAAGAAACAGATGAGAAATTTCAATGACAAAGACGTAAGAGACAGATAGA 2832  
 QY 850 GCCTATGATCCAGCAAAACAGCTGTAGATCATTTATTACAAATGAACAAAGATTACAC 909  
 DB 2833 AGATCATGATGATGAAACAAAGCGGTAGATGTTATATGCGGATATACAGATCAACA 2892  
 QY 910 TATCATTTACTTTTATGATCA-----TTCAAAACGCTGATCGATGATGATGATGAT 963  
 DB 2893 CTGAATCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2952  
 QY 964 CCTATGATATCAATTAATGTTTACGAATGCTCCAGGTATGAACTATGATGATGATGAT 1023  
 DB 2953 CTTTACGATATTAAGAAATGTTTCCAGAAATACAGGATGATATATACAAAGTTTACA 3012  
 QY 1024 GAGTTAAACGACGATCATGACGAGTTATTAATTTATATGATGACGAAATGCTATACA 1083  
 DB 3013 GAATTAACAGATGACCTCAACAGCGTGAATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3072  
 QY 1084 AATGTCCTTTACCAAGATATACAGGATGACGACGCAACAGAAATGCCGCTTACAA 1143  
 DB 3073 AATGTCCTTTACCAAGATATACAGGATGACGACGCTGCTGCTGATGATGATGAT 3132  
 QY 1144 CAATGATGAGCTTCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1203  
 DB 3133 CAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3192  
 QY 1204 TTGATGCTCAAGATCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1263  
 DB 3193 TTTACAGTTCAACGATCAACAAAGATATGATATTAAGATTTACGCAAGAAAGAGGGA 3252  
 QY 1264 GAAAGAGGATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1323  
 DB 3253 GAAATGATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3312  
 QY 1324 TCTGCG-----AAGAGATATATGACAAACAA 1353  
 DB 3313 GCAAGCGATTTATGATCAAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3372  
 QY 1354 GTAGAGTATTTCCAGAAAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1413  
 DB 3373 GTGACATTCATCCGATATACAGATCAAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3432  
 QY 1414 TTTTATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1440  
 DB 3433 TTTTATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3459

RESULT 11  
 US-07-941-650A-1

Sequence 1, Application US/07941650A  
Patent No. 6294184  
GENERAL INFORMATION:  
APPLICANT: Uyeda, Kendrick A.  
APPLICANT: Bradisch, Gregory A.  
TITLE OF INVENTION: Process for Controlling Lepidopteran Pests  
NUMBER OF SEQUENCES: 7  
CORRESPONDENCE ADDRESS:  
ADDRESSEE: David R. Saliwanchik  
STREET: 2421 N.W. 41st Street, Suite A-1  
CITY: Gainesville  
STATE: FL  
COUNTRY: USA  
ZIP: 32606  
COMPUTER READABLE FORM:  
MEDIUM TYPE: Floppy disk  
COMPUTER: IBM PC compatible  
OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS  
SOFTWARE: Patentin Release #1.0, Version #1.25  
CURRENT APPLICATION DATA:  
APPLICATION NUMBER: US/07/941,650A  
FILING DATE: 19920908  
CLASSIFICATION: 435  
PRIOR APPLICATION NUMBER: US 07/758,020  
FILING DATE: 12-SEP-1991  
PRIOR APPLICATION DATA:  
APPLICATION NUMBER: US 07/658,935  
FILING DATE: 21-FEB-1991  
PRIOR APPLICATION DATA:  
APPLICATION NUMBER: US 07/642,112  
FILING DATE: 16-JAN-1991  
ATTORNEY/AGENT INFORMATION:  
NAME: Saliwanchik, David R.  
REGISTRATION NUMBER: 31,794  
TELECOMMUNICATION INFORMATION:  
TELEPHONE: 904-375-8100  
TELEFAX: 904-372-5800  
INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1:  
SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
LENGTH: 3471 base pairs  
TYPE: nucleic acid  
STRANDEDNESS: double  
TOPOLOGY: linear  
MOLECULE TYPE: DNA (genomic)  
HYPOTHEICAL: NO  
ANTI-SENSE: NO  
ORIGINAL SOURCE:  
ORGANISM: *Bacillus thuringiensis*  
STRAIN: kumamotoensis  
INDIVIDUAL ISOLATE: PS50C  
IMMEDIATE SOURCE:  
CLONE: E. coli NM522(pMYC1638), NRRL B-18751  
US-07-941-650A-1

Query Match 18.5% Score 311.8: DB 3: Length 3471;  
Best Local Similarity 55.6%; Pred. No. 4.8e-69;  
Matches 815; Conservative 0; Mismatches 547; Indels 105; Gaps 7;

QY 22 AGTACGAAATAATACCTTAAATAGAAACGACAGATTATGAAATGATCAAGCGCCATT 81  
DB 2050 AATACAAAAGATGCGTTACGACACGCGTGTAAACGATTATGAAGTAAATCAAGCGGCAAC 2109  
QY 82 TCTATAGATGATGTCAGATGAAACAATACTCTCAGAAAAAATATATGTTGGATGAA 141  
DB 2110 TTAGTGGATGCTATCGATGATTTATATCCAAATGAAAAACGATTGTATTTGATCG 2169  
QY 142 ATAAACGCGGAAACAACCTTAGTCAGTCTGTATCTACTCCAAATGGAAGCTTTCT 201  
DB 2170 GTGAGAGGCAACGCCCTCAGTGGGACGTAACCTTACTACAAAGATCCAGATTCCAA 2229  
QY 202 GGG-----AATGATTGACATTCGGTATGATATTTATCATAGATCCAAATAT 249

DB 2230 GAGATTAACGGAGAAAATGATGGCGGCAAGTACGGGAATTGAGATTGTGAAGGGAT 2289  
QY 250 CCTATTTTAAAGAAAATTTCTACAGATGCGTGAACAGACGACATATATGAACTCTA 309  
DB 2290 GCTGTATTTAAAGACGTTATCTACGCGCTACACAGTSCACGAGAAATGATACGAAACG 2349  
QY 310 TTTCGAACCTATATCTGTCAAAAATAGATGACTAAATTTAAACCATATACAGTTAT 369  
DB 2250 TATCCAAAGTATCTGTATCAAAAAGTAGAGAGAGTATTTAAACCATACCAAGATAT 2409  
QY 370 CGAGTAAAGGGTTTGTGGAGAGTAAAGATTGAATTAATGTTAACGTTACGGG 429  
DB 2410 AGACTGAGAGGGTTTGTGGAGAGTACCAAGATTAGAAAATTTATACGATCGTCAC-- 2466  
QY 430 AAAAATTTGATGCTATCATGAATGTTCCAAATGATTTGGCCTATATGACGCTTAATCT 489  
DB 2467 CAACGATCGAATTTGTAAGAAATGTACAGATATTTA----- 2505  
QY 490 TCATGTGAGATTTATCGGTGGAATCATCGTCTCAGTATGAGCCAAAGGTTATCTTACA 549  
DB 2506 -TTGCCAGATGATATCTCTGTAACTGTATGCGAGTAT-----CAATGATGACGGA 2558  
QY 550 CCAACAGATGATATGCTCCGATATGTATGCATGCCGCAAAATATAGATGAAGCAAT 609  
DB 2559 ACAAAGATATGATGATAGCGGTTTGAAGAGAAACCG----- 2597  
QY 610 GTGAAGTGTACGATCGTCATCCATTGATTTTATATATGACACCGGAGAAAGTATACA 669  
DB 2598 -----TTCTGTATGACATGAGATTCGCTCCCTATCAATATAGAGAGTGAATTAC 2652  
QY 670 AATCAAAATGAGGATTTGATGTCTTATTAATAATTTCTAATCCAGATGATAGCTTACA 729  
DB 2653 AATGAATATGAGAAATATGAGTTGATTTAAGTTACGAGACCCAGAGGATATGCAACA 2712  
QY 730 GTAGGGAATCTAGAGTCAATTGAAGAAAGACCACTAAACAGTGAACATTTGGCAGATGT 789  
DB 2713 CTGGAATCTTGAATTAATGTCGAAGAGGACCTTTGTACAGAGACGATTTAGACGGCTTG 2772  
QY 790 AAACAAAAGAAAAGAAATGGAACCAACATGAGAAAACGTTGGGAAACCAACAA 849  
DB 2773 CAAGAGAGAAACAACGATGAAAGATTCAATGACAAAGACGTGAAGAGACAGATAGA 2832  
QY 850 GCTATGATCCAGCAAAACAGGCTGTAGATCATTTTACAAATGAAACAAGATTACAC 909  
DB 2833 AGATACATGCGATGAAACAACGCGTAGATCGTTTATATGCCATTATCAGATCAACAA 2892  
QY 910 TATCATTTACTTTAGATCAT-----TTCAAAACGCTGATGCACTGTATCAGTCGATT 963  
DB 2893 CTGAATCCTGATGTAGAGATTAACAGATCTTACTCGGCTCAAGATCTGATCAGTCCATT 2952  
QY 964 CCTATGTATATCAATATGTTTACCGAATGCTCCAGATGTAAGTATGATATATCA 1023  
DB 2953 CTTACGATATTAACGAATGTTCCAGAAATACCAAGAGTGAACCTATACGAAGTTTACA 3012  
QY 1024 GAGTTAAACGACGTTATCATGCAAGTTTATATTTATATGATGACAGAAATGTCAATACA 1083  
DB 3013 GAATTTACAGATTCAGATCCAAACAGCGTGAATTTGATATGATCAACGAAATGCAATACA 3072  
QY 1084 AATGTGACTTTTACCAAGATTACAGAGATGCAACCAACGAAATGCGCGGTACAA 1143  
DB 3073 AATGTGATTTTCAAAATGGGTTAATGTAATGGAATCAACGCTCGGTGTAAGTTACA 3132  
QY 1144 CAATGATGAGAGTTCAATGTTTGTCTATCAAAATGAGAGCGGGGGGTATCTCAAAAC 1203  
DB 3133 CAATTCATATCATATATGCTCTTGTATTTCAAACTGGAGTGAACAGTTTCAACACAG 3192  
QY 1204 TTGATGCTCAAGATCATATGATATGTTTATGTTGATGTTGCAAAAAGAGAGACT 1263  
DB 3193 TTTACAGTTCAACGAATCAAAAGTATGTTATTTAGATTTACTGCAAGAAAAGAGGGGTA 3252  
QY 1264 GAAAAGAGGATTTGTACAGATGATGATTTGTAATGAAAAGCAGAAACCTTAAGTTCACT 1323  
DB 3253 GAAATGATATATGTAATGATTTCTGATGATGTAATCAATCAGAAACGCTTACTTTAGT 3312

QY 1324 TCTTCCG-----AAGAGATATATGCAAAAAACA 1353  
Db 3313 GCAACCGATTATGATACAAATGCTGTATATATGACCAACCGGCTATATCAAAAAACA 3372  
QY 1354 GTAGAGGATATCCCGAAGATGATGATGAGATTTGAATGAGAAACGAGGTACA 1413  
Db 3373 GTGACATTCATCCCGTATATACAGATCAAAATGATGATTAAGTAAACAGAGGTACG 3432  
QY 1414 TTTTATATAGATAGCATCGAGTTGCTT 1440  
Db 3433 TTCTATATAGAAAGTGTAGATTTGATT 3459  
  
RESULT 12  
US-07-973-320-3  
; Sequence 3, Application US/07973320  
; Patent No. 5286486  
; GENERAL INFORMATION:  
; APPLICANT: Payne, Jewel M.  
; APPLICANT: Fu, Jenny M.  
; TITLE OF INVENTION: No. 5286486el Bacillus thuringiensis Gene  
; TITLE OF INVENTION: Encoding a Coleopteran-Active Toxin  
; NUMBER OF SEQUENCES: 4  
; CORRESPONDENCE ADDRESS:  
; ADDRESSEE: David R. Saliwanichik  
; STREET: 2421 N.W. 41st Street, Suite A-1  
; CITY: Gainesville  
; STATE: FL  
; COUNTRY: USA  
; ZIP: 32606  
; COMPUTER READABLE FORM:  
; MEDIUM TYPE: Floppy disk  
; COMPUTER: IBM PC compatible  
; OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS  
; SOFTWARE: Patentin Release #1.0, Version #1.25  
; CURRENT APPLICATION DATA:  
; APPLICATION NUMBER: US/07/973,320  
; FILING DATE: 19921106  
; CLASSIFICATION: 435  
; PRIOR APPLICATION DATA:  
; APPLICATION NUMBER: US 07/788,638  
; FILING DATE: 6-NOV-1991  
; ATTORNEY/AGENT INFORMATION:  
; NAME: Saliwanichik, David R.  
; REGISTRATION NUMBER: 31,794  
; REFERENCE/DOCKET NUMBER: MA68.C1  
; TELECOMMUNICATION INFORMATION:  
; TELEPHONE: 904-375-8100  
; TELEFAX: 904-372-5800  
; INFORMATION FOR SEQ ID NO: 3:  
; SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
; LENGTH: 3414 base pairs  
; TYPE: NUCLEIC ACID  
; STRANDEDNESS: double  
; TOPOLOGY: linear  
; MOLECULE TYPE: DNA (genomic)  
; HYPOTHETICAL: NO  
; ANTI-SENSE: NO  
; ORIGINAL SOURCE:  
; ORGANISM: Bacillus thuringiensis  
; STRAIN: kumamotoensis  
; INDIVIDUAL ISOLATE: HD867  
; IMMEDIATE SOURCE:  
; LIBRARY: Lamdagem (TM)-11 library of J.M. Fu  
; CLONE: 867  
; US-07-973-320-3  
  
Query Match 18.0%; Score 303; DB 2; Length 3414;  
Best Local Similarity 53.5%; Pred. No. 8.1e-67;  
Matches 784; Conservative 0; Mismatches 600; Indels 81; Gaps 4;  
QY 28 AAAAATGCTTAAAAATGAAACGACAGATTATGAAATGATCAAGCGCCATTCTATA 87

Db 1991 AGAAATGCACTCCAAAAAGACGTGACAGATTTTAAGTGAACCAAGTTTCAATTTTAAGT 2040  
QY 88 GAATGATATGTCAGATGAAACAAAATCTCAGAGAAAAAATATGTTATGGATGAAATAAA 147  
Db 2041 GATTGTATATACAGGGGATTTATATCCAAATGAAACCGAATCTCAAAAATCTAGTCAAA 2100  
QY 148 CTGGCAAAACAACTTATGATGCTGTGATATCTATCTCCAAATGAGACCTTTCTGGAA 207  
Db 2101 TACGCAAAACGTTTGAGCTATATCCGTAATTTTACTTACAGATCCAAATTCGATTTAT 2160  
QY 208 GATTGACATTCGGTATATGATATATATCATPAGGATCCAAATATCTATTTTAAAGAAA 267  
Db 2161 AATTGATCTGAGAGAGATGTTGATAGAGATTAAGTATTTGATTTGAAATGGGAT 2220  
QY 268 TTTCTACAGATGCGT-----GAGCAGCAGACATATATGAACTCTATTTCCAAC 318  
Db 2221 TTTGTATTCAAAGTATCATTTATTTTTCAGGTACCAATGATACCAATATCCACA 2280  
QY 319 TATATCTGTCAAAAATATGATGAGTCTAAATTAACCATATACAGCTTATGAGTAA 378  
Db 2281 TATCTCTACAAAAATATGATGAATCCAACTCAAGAAATATACACGCTATTAAGTAAA 2340  
QY 379 GGGTTGGGAGAGTAAAGATTGAATTAATGTAACAGCTTACGGGAAAGAAAT 438  
Db 2341 GGTTTTATCGAAAGTATGATGAGATTTAAGCTTATGATTTGCTATATGATGCAAAACAT 2400  
QY 439 GATGCTATCATGATATGTTCCAAATGATTTGGCTATATGACAGCTTATCTCATGTGA 498  
Db 2401 AGACATTTGATGATTTCTGATATATCTATTTACAGATATTTCTCCAGAAATCATGTGA 2460  
QY 499 GATTATCGCTGGAATCATCGTCTGATATGAGCAGCAAGGATATCTTACCAACAGAT 558  
Db 2461 GAACCAAAATCGCTGCGCGCACMACAATACCTG----- 2493  
QY 559 GGATATGCTCCCGATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 618  
Db 2494 -----GATGAAATATCAAGTTTCAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2541  
QY 619 CACGATGCTATCATTTGATTTTTCATATGACACCGAGAGATGATGATGATGATGATGAT 678  
Db 2542 TCTGATGCGCATCATTTTCTCTTATATGATATAGGTTTATATATCATGATGATGAT 2601  
QY 679 GTAGTATGATGCTTATTAATAATTTCTATTCAGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 738  
Db 2602 TTAGGAATTTGGTGTGTTTAAATTTTCACATGAGGATGATGATGATGATGATGATGAT 2661  
QY 739 CTAGAAATCATGAGAGAGCACTAACAGGTGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 798  
Db 2662 CTAGAAATGATGAGAGAGCCAGTATTTGAGAGAGCAATTTAGCCGATGATGATGATGAT 2721  
QY 799 GAAAGAAATGAGAAACACATGAGAGAAACCTTTGGGAAACACACACCTATGAT 858  
Db 2722 GAAAGAAATGAGAGAAACAGTTTACCACTGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 2781  
QY 859 CCAGCAAAACAGCTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 912  
Db 2782 CGAGCAAAACAGCTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2841  
QY 913 CATATTTACTTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 972  
Db 2842 GATGTTTACATTTGCGGAAATTTGCGGCTGCAAGAAAGATTTGCAATCAATAGCGCAAGG 2901  
QY 973 TACCATTAATTTGTTTCCGAATGCTCAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1032  
Db 2902 TATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2961  
QY 1033 GCAGTATCATGCAAGGTTATATTTATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1092  
Db 2962 GAGCAGAT 3021  
QY 1093 TTTACCAAGATTTACAGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1152

Db 3022 TTCCCTCAATGCGTATCCGATGATGTGTAACATCTGACGTAAAGTACAAAGAAAT 3081  
Qy 1153 GGAGCTTCAGTATTGTTCTTATCAATTTGAGCGGGGGTATCTCAAACTTGATGCT 1212  
Db 3082 GGGAAATACGATTAAGTTCTTAAACAATGGATGACAAAGTATTAACAAACCTAAACCTC 3141  
Qy 1213 CAAGATCATCATGATATGTGTGTTACGTGTGATTTGCCAAAAAAGAGACCTGGAAGAGG 1272  
Db 3142 TATCAAGACCGTGGTATATCTTACGTGAACGCCGCCAGATGAGATTTGGGAAAGG 3201  
Qy 1273 TATGTAACGATGATGATTTGTAATGAAAGCAGAAACATTAACTTCTTTCGAA 1332  
Db 3202 TATTAACGATTAACGATGAAGAGGCAACAGTTCAATTGAGATTTACTGATGTA 3261  
Qy 1333 G-----AAGATATATGACAAACAGTGAAGTATTC 1365  
Db 3282 GTGATTGATGATCTAAATGCGTTTATATCCGTTATATTAACAAAGAACTGAAATCTTC 3321  
Qy 1366 CCAGAAAGTGAATCGTACGATTTGAAATAGAGAAACGAAAGTACATTTTATATAGT 1425  
Db 3322 CCAAGTACAGAAAGTGCATATTAAGAAATAGCGAAACAGAAAGAAATTTCTGATAGA 3381  
Qy 1426 AGCATCGATGCTTGTATGCAAG 1450  
Db 3382 AGTATAGATTATTTTGTATGGAAG 3406

## RESULT 13

US-07-973-320-1  
Sequence 1, Application US/07973320  
Patent No. 5286486

## GENERAL INFORMATION:

APPLICANT: Payne, Jewel M.

TITLE OF INVENTION: No. 5286486e1 Bacillus thuringiensis Gene

TITLE OF INVENTION: Encoding a Coleopteran-Active Toxin

NUMBER OF SEQUENCES: 4

CORRESPONDENCE ADDRESS:

ADDRESSEE: David R. Saliwanchik

STREET: 2421 N.W. 41st Street, Suite A-1

CITY: Gainesville

STATE: FL

COUNTRY: USA

ZIP: 32606

COMPUTER READABLE FORM:

MEDIUM TYPE: Floppy disk

COMPUTER: IBM PC compatible

OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS

SOFTWARE: Patentin Release #1.0, Version #1.25

CURRENT APPLICATION DATA:

APPLICATION NUMBER: US/07/973,320

FILING DATE: 19921106

CLASSIFICATION: 435

PRIOR APPLICATION DATA:

APPLICATION NUMBER: US 07/788,638

FILING DATE: '6-NOV-1991

ATTORNEY/AGENT INFORMATION:

NAME: Saliwanchik, David R.

REGISTRATION NUMBER: 31,794

TELECOMMUNICATION INFORMATION:

TELEPHONE: 904-372-5800

TELEFAX: 904-372-5800

INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1:

SEQUENCE CHARACTERISTICS:

LENGTH: 3414 base pairs

TYPE: NUCLEIC ACID

STRANDEDNESS: double

TOPOLOGY: linear

MOLECULE TYPE: DNA (genomic)

HYPOTHETICAL: NO

ANTI-SENSE: NO

ORIGINAL SOURCE:

ORGANISM: Bacillus thuringiensis  
STRAIN: dakota  
INDIVIDUAL ISOLATE: HD511  
IMMEDIATE SOURCE:  
LIBRARY: Lamdagem (TM)-11 library of J.M. Fu  
CLONE: 511  
US-07-973-320-1

Query Match 17.8%; Score 299.8; DB 2; Length 3414;  
Best Local Similarity 53.4%; Pred. No. 5.2e-66;  
Matches 782; Conservative 0; Mismatches 602; Indels 81; Gaps 4;

Qy 28 AAAAAATCGTTAAATAGAAACACAGATTATGAAATAGATCAAGCGGCATTTCTATA 87  
Db 1981 AGAAATGACCTCAAAAATACGTACAGATTAATAAGTGCACAGTTTCAATTTTATG 2040  
Qy 88 GAATGATGATGATGAAACAAATCTCCAGAAAAAATATGTTATGGATGAATATAA 147  
Db 2041 GATTGTATATCAGGGGATTTTATCCCAATGAGAAACCGAACTACAAATCTAGTCAA 2100  
Qy 148 CTGGCAAAACAACTTAGCATGCTCGTAATCTACTCCAAAATGAGACTTTCTGGGAT 207  
Db 2101 TACGCAAAACGTTGAGCTATCCGTAATTTACTTCTAGATCCCAATTCGATTTCTAT 2160  
Qy 208 GATTGACATTCGGTAAATGATATATATCATAGATCAATAATCTTATTTTAAAGAAA 267  
Db 2161 AATTCATCTGAGAGAAATGTTGATGATGAAATGATATGTTGATTTGAAATGGGAT 2220  
Qy 268 TTCTACAGATGCT-----GAGACAGACATATATGAACTTATTTCAAAC 318  
Db 2221 TTGTATTAACAAAGTAACTATTTATTTTTCAGGTACCAATGATACAAATATCCAA 2280  
Qy 319 TATATCTGCAAAAATAGATGATGATTAATAACATATACGTTATCGATAGA 378  
Db 2281 TATCTTACAAAATAGATGATTAATACTCAAGAAATTTTACGCTATTAATCTGAAA 2340  
Qy 379 GGGTTTGGGAGATGATTAAGATTTGAAATTAATGTTACACGTTACGGGAAAGAAATT 438  
Db 2341 GGTTTTATCGAAATGATGATGATTTAGAACTTATGATGATTCCTATGATGCAAAACAT 2400  
Qy 439 GATGCTATCATGAATGTTCCAAATGATTTGGCTATATGACCTTAATCTTCATGTGA 498  
Db 2401 AGAATGATGATGATTTGATGATATCTATTAACATATTTCTCCGAGAAATACATGTGA 2460  
Qy 499 GATTATGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 558  
Db 2461 GAACCAATCGCTCGCGGCAACAATACCTG----- 2493  
Qy 559 GATATGCTCCGATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 618  
Db 2494 -----GATGAATCCAAAGTTCAAGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2541  
Qy 619 CACATGCTATCAATTTGATTTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 678  
Db 2542 TCTGATTCGATTTATTTCTTAAATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2601  
Qy 679 GTAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 738  
Db 2602 TTAGGAATTTGGGTTGTTTAAATTTCAATTAAGATGATGATGATGATGATGATGAT 2661  
Qy 739 CTAAAGTCAATGAAGAAAGCACTAAACAGTGAACATTTGGCACTGTGAACAAAG 798  
Db 2662 CTAAAGTGAATGAAGATGCGCCAGTTATGGAACATTAAGCCGTTGAACGCGCAA 2721  
Qy 799 GAAAGAAATGAAACAAACATGAGAGAAAAAGTTGGGAAACAAACAAAGCCTATGAT 858  
Db 2722 GAAAGAAATGAGAAACAAAGTTAGCCCAATGACAAACGAAACAAAGCCTATTAACA 2781  
Qy 859 CCAGCAAAACAGGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 912  
Db 2782 CGAGCAAAACAAAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2841  
Qy 913 CATATTACTTAATGATCATATTAACAAACGCTGATGATGATGATGATGATGATGAT 972

Db 2842 GATGTACATTTCCGGAATTCGGCTGCGAAGAAAGATTGTCATTCATACCCGAAGTG 2901  
Qy 973 TACCATTAATGGTATCCGAATGCTCAGATATGAATATGATATATCAAGATTAAC 1032  
Db 2902 TATATGTCATGTTATCTGTTGTTCCAGGTGTAATTCACCCATTTTTCACAGTTAAGT 2961  
Qy 1033 GCACGTATCAGCAAGGTTATATTTATATGTCACGGAATGTCATAACAAATGTCAC 1092  
Db 2962 GGGAGAGTACACAGGACATTTCAATTAATGATGACGAATGTTGCGTATGTCGA 3021  
Qy 1093 TTTACACAAAGATTACAGGATGCGACGCAAGAAATGCGCGGTACACAAATGAT 1152  
Db 3022 TTCTCAATGGCTTATCCGATTTGATGATGTAACATCTGACGTAAACGTACAGAAAGAAAT 3081  
Qy 1153 GGAGCTCAGTATGATGTTCTATCAATTCGACGCGGGGTATCTCAAACTTGATGCT 1212  
Db 3082 GGGATTAAGTATGTTGTTCTTAAACAATGGGATGGCAAGTATTAAGAAACGTAAACATC 3141  
Qy 1213 CAAGTATCATGATGATATGTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1272  
Db 3142 TATCAAGACCGTGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3201  
Qy 1273 TATGTAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1332  
Db 3202 TATATTAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3261  
Qy 1333 GA-----AGGATATATGACAAAAACAGTAGAGTATTC 1365  
Db 3262 GAGATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3321  
Qy 1366 CCAGAAAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1425  
Db 3322 CCAGATATACAGAAAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3381  
Qy 1426 AGCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1450  
Db 3382 AGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3406

## RESULT 14

US-08-315-468-3  
Sequence 3, Application US/08315468

Patent No. 5554534

GENERAL INFORMATION:

APPLICANT: Michaelis, Tracy Ellis

APPLICANT: Fonzerrada, Luis

TITLE OF INVENTION: Process for Controlling Scarab Pests

TITLE OF INVENTION: with Bacillus thuringiensis Isolates

NUMBER OF SEQUENCES: 6

CORRESPONDENCE ADDRESS:

ADDRESSEE: David R. Saliwanichik

STREET: 2421 N.W. 41st Street, Suite A-1

CITY: Gainesville

STATE: FL

COUNTRY: USA

ZIP: 32606

COMPUTER READABLE FORM:

MEDIUM TYPE: Floppy disk

OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS

SOFTWARE: Patent Release #1.0, Version #1.25

CURRENT APPLICATION DATA:

APPLICATION NUMBER: US/08/315,468

CLASSIFICATION: 424

PRIOR APPLICATION DATA:

APPLICATION NUMBER: US/08/014,941

FILING DATE: 01 FEB 1993

APPLICATION NUMBER: 07/828,430

FILING DATE: 30-JAN-1992

PRIOR APPLICATION DATA:

APPLICATION NUMBER: 07/808,316  
FILING DATE: 16-DEC-1991  
ATTORNEY/AGENT INFORMATION:  
NAME: Saliwanichik, David R.  
REGISTRATION NUMBER: 31,794  
REFERENCE/DOCKET NUMBER: MA73, C2  
TELECOMMUNICATION INFORMATION:  
TELEPHONE: 904-375-8100  
TELEFAX: 904-372-5800  
INFORMATION FOR SEQ ID NO: 3:  
SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
LENGTH: 3507 base pairs  
TYPE: nucleic acid  
STRANDEDNESS: double  
TOPOLOGY: linear  
MOLECULE TYPE: DNA (genomic)  
HYPOTHETICAL: NO  
ANTI-SENSE: NO  
ORIGINAL SOURCE:  
ORGANISM: Bacillus thuringiensis  
STRAIN: kumamotoensis  
INDIVIDUAL ISOLATE: 50C  
IMMEDIATE SOURCE:  
LIBRARY: LambdaGem-11 (cm) library of L. Fonzerrada  
CLONE: 50C(b)  
US-08-315-468-3

Query Match 17.0%; Score 286.6; DB 2; Length 3507;

Best Local Similarity 54.7%; Pred. No. 1.2e-62;

Matches 729; Conservative 0; Mismatches 529; Indels 75; Gaps 5;

Qy 22 ACTAGAAATATACCTTAAATATGAAACGACAGATTATGAAATGATCAAGCCGCTAT 81  
Db 2038 AATACAAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2097  
Qy 82 TCTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 141  
Db 2098 TTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2157  
Qy 142 ATAAAGTGGCAAAACCTAGTCTGCTGATCTACTCAAAATGAGACTT--- 197  
Db 2158 GTGAGAGAGCAAAACCTAGTCTGCTGATCTACTCAAAATGAGACTT--- 2217  
Qy 198 -----TTCTGGAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 249  
Db 2218 GAGATTAATGAGAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2277  
Qy 250 CCTATTTTAAAGAAATTTCTACAGATGCTGAGACGACGACATATATGAACTCTA 309  
Db 2278 GCTGATTTCAAGGCGCTTATCTACGCTTACAGGCTGAGAGAAATGATATCGGAAACG 2337  
Qy 310 TTCCAACTATATCTGTCAAAATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 369  
Db 2338 TATCCAGATATCTGTATCAAAATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2397  
Qy 370 CGATTAAGAGGTTTGTGGAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 429  
Db 2398 AGACTGAGAGGATTTGTGGAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2457  
Qy 430 AAAGAAATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 489  
Db 2458 A-----CGAATCAATTTTAAATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2505  
Qy 490 TCATGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 549  
Db 2506 CCTCTGTAACAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2530  
Qy 550 CCAACAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 609  
Db 2531 TCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2590  
Qy 610 GTGAAGTGCAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 669

1

Db 2591 GTGAAGCG-----CATGATGTTCTCATCCCTATCGATACAGAGAGCTGGATTAC 2640

Qy 670 AATACAAATGTAGTATGATGATCTTATTAATAATTTCTAATCCAGATGAGTAACCTTACA 729

Db 2641 AATGAAAATGCGAGATATGGTTGGATTAAAGATTACGAGCCAGAGGATACCAACA 2700

Qy 730 GTAGGAATCTGAAAGTCAATTGAAGAAGACCACTAACAGTGAAGCATTTGACATGTG 789

Db 2701 CTGGAAATCTTGAATTTGGTTCGAAGAGGACCTTTGTCTGAGAGAGCATTTAGAAAGCTTG 2760

Qy 790 AACAAGAAAGAAAGAAATGAGAAACAACATGAGAGAAAAAGCTTGGAAAACAGACAA 849

Db 2761 CAAAAAGAAAGAACAGTGAAGATTCAATGACAAAGAAAGCGTGAAGAGACAGATTAGA 2820

Qy 850 GCCTATGATCCAGCAAAACAGGCTGTAGTGAATTTATTAACAATGAACAAAGTTACAC 909

Db 2821 AGATCATGCGATCGCAAAACMACGGGTAGATCGTTATATAGCCGATTAATCAGATCAGCAA 2880

Qy 910 TATCATATTACTTTAGA-----TCATATTCAAAAAGCTGATCGACTGGTACATCGATT 963

Db 2881 CTGAATCCGAAATGTAGAGATTACAGATCTTACTGGGCTCAAGATCTTAATACAGTCCATT 2940

Qy 964 CCTATGTATACCATAAATTTGTTACCGAATGCTCCAGATGATGATGATGATATACAA 1023

Db 2941 CCTTACGTGTATACGAATATGTTCCAGAAATACAGGAATGACCTATACGAAGTTTACA 3000

Qy 1024 GAGTTAAAGCGCATGATCATGCAAGTTATTAATTAATGATGACAGAAATGTCTAACAA 1083

Db 3001 GAGTTAAAGCATGCACTCCACMACGCTGGGAGTTGTATGATCAACGAAACCCCTATACCA 3060

Qy 1084 AATGTTGACTTTACCAAGATTTTACAGGATGCGACGCAACGAAATGCCGGGTACAA 1143

Db 3061 AATGAGATTTACCGAAATGAAATTAAGTAAATTGAAATACAACTCTGTGTGATGATACAA 3120

Qy 1144 CAATGATGATGAGCTTCAAGTATTAATTTATCAAAATGAGAGCGGGGTATCTCAAAAC 1203

Db 3121 CAATCTATCATACATCTGTCTTGTGATTTCCAACTGGAAATGAACAAGTTTCACAAAG 3180

Qy 1204 TTGATGCTCAAGATCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1263

Db 3181 TTTACAGTTCAACCGAATCAAAAGATATGTTACAGATTAACGAAAGAAAGAGGGTAA 3240

Qy 1264 GAAAAGGGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1323

Db 3241 GGAATGATATGATATGATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3300

Qy 1324 TCTTCCGAAGAAG 1336

Db 3301 GCAAGCGATTATG 3313

RESULT 15

US-08-542-921-1

Sequence 1, Application US/08542921

Patent No. 5736514

GENERAL INFORMATION:

APPLICANT: IIZUKA, TOSHIHIKO

APPLICANT: TAGAWA, MICHITO

APPLICANT: ARAI, SATOSHI

APPLICANT: NIIZEKI, MASATOSUGU

APPLICANT: MIYAKE, TOSHIRO

TITLE OF INVENTION: NOVEL BACILLUS STRAIN AND HARMFUL

TITLE OF INVENTION: ORGANISM CONTROLLING AGENTS

NUMBER OF SEQUENCES: 2

CORRESPONDENCE ADDRESS:

ADDRESSEE: OBLON, SPIVAK, MCLELLAND, MAIER & NEUSTADT

STREET: 1755 S. JEFFERSON DAVIS HIGHWAY, FOURTH FLOOR

CITY: ARLINGTON

STATE: VIRGINIA

COUNTRY: USA

ZIP: 22202

COMPUTER READABLE FORM:

MEDIUM TYPE: Floppy disk

1

COMPUTER: IBM PC compatible

OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS

SOFTWARE: Patent In Release #1.0, Version #1.30

CURRENT APPLICATION DATA:

APPLICATION NUMBER: US/08/542,921

FILING DATE: 13-OCT-1995

CLASSIFICATION: 424

PRIOR APPLICATION DATA:

APPLICATION NUMBER: JP 276082/94

FILING DATE: 14-OCT-1994

ATTORNEY/AGENT INFORMATION:

NAME: OBLON, NORMAN F

REGISTRATION NUMBER: 24,618

REFERENCE/DOCKET NUMBER: 49-209-0

TELECOMMUNICATION INFORMATION:

TELEPHONE: (703) 413-3000

TELEFAX: (703) 413-2220

INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1:

SEQUENCE CHARACTERISTICS:

LENGTH: 3759 base pairs

TYPE: nucleic acid

STRANDEDNESS: double

TOPOLOGY: linear

MOLECULE TYPE: DNA (genomic)

ORIGINAL SOURCE:

ORGANISM: *Bacillus thuringiensis* var. *japonensis*

STRAIN: N141

FEATURE:

NAME/KEY: CDS

LOCATION: 47..3556

US-08-542-921-1

Query Match 16.1%; Score 271.4; DB 2; Length 3759;

Best Local Similarity 52.4%; Pred. No. 8.5e-59;

Matches 775; Conservative 0; Mismatches 626; Indels 78; Gaps 5;

Qy 23 GTAGAAAATAAATACGTTAAATAAGAAAGCAGATTTGAAATGATCAAGCGGCCATTT 82

Db 2118 GTACAAAGGACGAGATTCAGGTAATGTGACAGATTTCAAGTGAACCAAGCGGCAATTT 2177

Qy 83 CTATAGATGTATGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 142

Db 2178 TAGTGTATGCTTATTCGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2237

Qy 143 TAAACTGGCAAAACAACTTATGTCATCTGTAATCTACTCAAAATGAGACTTTCTG 202

Db 2238 TAAAGCGGCAAAACGCTCAGCCGCGAAGCACTTACATTCAGATTCAGATTTTATA 2297

Qy 203 GGAATGATTTGACATTTGGTAAATGATATTAATCATAGATTCGAATTCATTTTAAAG 262

Db 2298 CAATCAATAGTACAGAAAGATGCTGGAAGGCAAGTAAACGCTTACTATTAAGCAGG 2357

Qy 263 GAAATTTCTACAGATGCTGAGACAGACATATATGAACTCTA-----TTTCAA 316

Db 2358 GCGGTCAATCTTTAAAGTGTGTCATCTTCAATTAAGCAAGGCAAGAAATATATCAA 2417

Qy 317 CTTATATCTGCAAAAATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 376

Db 2418 CATACATTTTCAAAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2477

Qy 377 GAGGTTTGGGGAAGTAAAGTAAATTTAAATTAATGATTAACGTTACGGGAAAGAA 436

Db 2478 ATGGGTTTGGGAAGTAAAGTAAATTTAAATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTA 2534

Qy 437 TTGATGCTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 496

Db 2535 TCCATCTTGTGAABAAATGTACAGATATTTAGATCCGATTAATCTACCGATGTTCTT 2594

Qy 497 GAGATTATCGCTGTAATCATCTGTCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 556

Db 2595 GCAATGGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2654



**This Page Blank (uspto)**